

FR 98/02615



24 DEC. 1998

09/555648

BREVET D'INVENTION

REC'D 20 JAN 1999

WIPO PCT

CERTIFICAT D'UTILITÉ - CERTIFICAT D'ADDITION

COPIE OFFICIELLE

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle certifie que le document ci-annexé est la copie certifiée conforme d'une demande de titre de propriété industrielle déposée à l'Institut.

Fait à Paris, le 17 NOV. 1998

Pour le Directeur général de l'Institut
national de la propriété industrielle
Le Chef du Département des brevets

PRIORITY DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

Martine PLANCHE

INSTITUT
NATIONAL DE
LA PROPRIÉTÉ
INDUSTRIELLE

SIEGE
26 bis, rue de Saint Petersburg
75800 PARIS Cédex 08
Téléphone : 01 53 04 53 04
Télécopie : 01 42 93 59 30

THIS PAGE BLANK (USPTO)

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE

26 bis, rue de Saint Pétersbourg
75800 Paris Cedex 08
Téléphone : 01 53 04 53 04 Télécopie : 01 42 93 59 30

Confirmation d'un dépôt par télécopie ☐

Cet imprimé est à remplir à l'encre noire en lettres capitales

Réservé à l'INPI

DATE DE REMISE DES PIÈCES

03 DEC 1997

N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL

97 15197 -

DÉPARTEMENT DE DÉPÔT

DATE DE DÉPÔT

03 DEC. 1997

2 DEMANDE Nature du titre de propriété industrielle

☒ brevet d'invention

☐ demande divisionnaire

☐ certificat d'utilité

☐ transformation d'une demande de brevet européen

☐ demande initiale

☐ brevet d'invention

n° du pouvoir permanent

références du correspondant

téléphone

BLOcp1020/3FR

☐ certificat d'utilité n°

date

Établissement du rapport de recherche

☐ différé

☒ immédiat

Le demandeur, personne physique, requiert le paiement échelonné de la redevance

☐ oui

☐ non

Titre de l'invention (200 caractères maximum)

ERYTHROVIRUS ET SES APPLICATIONS.

3 DEMANDEUR (S)

n° SIREN

code APE-NAF

Nom et prénoms (souligner le nom patronymique) ou dénomination

ASSISTANCE PUBLIQUE-HOPITAUX DE PARIS

Forme juridique

Etablissement public

Nationalité (s) **française**

Adresse (s) complète (s)

3 avenue Victoria, 75004 PARIS RP

Pays

FRANCE

4 INVENTEUR (S) Les inventeurs sont les demandeurs

☐ oui

En cas d'insuffisance de place, poursuivre sur papier libre ☐

☒ non Si la réponse est non, fournir une désignation séparée

5 RÉDUCTION DU TAUX DES REDEVANCES

☐ requise pour la 1ère fois

☐ requise antérieurement au dépôt : joindre copie de la décision d'admission

6 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE

pays d'origine

numéro

date de dépôt

nature de la demande

7 DIVISIONS antérieures à la présente demande n°

date

n°

date

8 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE

(nom et qualité du signataire - n° d'inscription)

Béatrice ORES
n° 92-4046

SIGNATURE DU PRÉPOSÉ À LA RÉCEPTION

SIGNATURE APRÈS ENREGISTREMENT DE LA DEMANDE À L'INPI

DÉSIGNATION DE L'INVENTEUR

(si le demandeur n'est pas l'inventeur ou l'unique inventeur)

DIVISION ADMINISTRATIVE DES BREVETS

26bis, rue de Saint-Pétersbourg
75800 Paris Cédex 08
Tél. : 01 53 04 53 04 - Télécopie : 01 42 93 59 30

N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL

9215197

TITRE DE L'INVENTION : ERYTHROVIRUS ET SES APPLICATIONS.

LE(S) SOUSSIGNÉ(S)

CABINET ORES
6 avenue de Messine
75008 PARIS (FRANCE)

DÉSIGNE(NT) EN TANT QU'INVENTEUR(S) (indiquer nom, prénoms, adresse et souligner le nom patronymique) :

NGUYEN Quang Tri
129 avenue Maurice Thorez, 94200 IVRY SUR SEINE (FRANCE)

GARBARG-CHENON Antoine
8 place Charles Fillion, 75017 PARIS (FRANCE)

AUGUSTE Véronique
22/30 rue du Borrego, 75020 PARIS (FRANCE)

NOTA : A titre exceptionnel, le nom de l'inventeur peut être suivi de celui de la société à laquelle il appartient (société d'appartenance) lorsque celle-ci est différente de la société déposante ou titulaire.

Date et signature (s) ~~du demandeur~~ du mandataire

Le 3 décembre 1997,



Béatrice ORES
n° 92-4046

La présente invention est relative à des séquences nucléiques issues d'un érythrovirus humain, à leurs fragments ainsi qu'à leurs applications, en tant que réactif de diagnostic et en tant qu'agent immunogène.

Les études séro-épidémiologiques montrent que l'infection par le
5 parvovirus B19, récemment renommé érythrovirus B19, est communément et largement répandue dans le monde entier.

En Europe, la séoprévalence pour l'érythrovirus B19 est d'environ 10 % chez les sujets de moins de 5 ans, d'environ 50 % pour les sujets de plus de 20 ans et supérieure à 90% chez les personnes âgées.

10 Le taux élevé de séoprévalence suggère que l'érythrovirus B19 est très contagieux. Lors d'épidémies, le taux de transmission à des sujets en contact rapproché est de 10 à 60 %, la voie de transmission étant principalement aérienne (sécrétions respiratoires).

L'érythrovirus B19 est un virus spécifiquement humain. L'infection
15 aiguë entraîne communément une éruption cutanée maculo-papuleuse bénigne chez l'enfant (mégalérythème épidermique ou 5^{ème} maladie). Des arthralgies peuvent accompagner l'éruption, et exceptionnellement devenir chroniques.

Une crise érythroblastique aiguë transitoire survient habituellement, chez les patients déjà porteurs d'une anémie hémolytique chronique (drépanocytose,
20 thalassémie, déficit en pyruvate kinase...), entraînant une anémie aiguë arégénérative transitoire.

La primo-infection aiguë par l'érythrovirus B19 est particulièrement dangereuse chez la femme enceinte avec un risque de transmission au fœtus estimé à 30 %. Le risque de mort foetale est estimé entre 5 et 9 % par anémie, insuffisance
25 hépatique, insuffisance cardiaque et anasarque foeto-placentaire.

Les infections chroniques à érythrovirus B19 se rencontrent essentiellement chez les sujets immunodéprimés (leucémie myéloïde chronique, déficit immunitaire humoral et cellulaire, greffés d'organe ou de moelle, malades du SIDA).

Chez les patients VIH-1 séropositifs, l'infection chronique par érythrovirus B19 est responsable d'anémie chronique, mais peut également agir sur les
30 autres lignées (neutropénie et surtout thrombopénie). L'absence de réponse immunitaire humorale suffisante chez ces patients permet l'installation d'une érythrovirémie

chronique et explique à la fois l'érythroblastopénie chronique et l'absence des autres symptômes tels que le rash ou les arthralgies.

L'érythrovirus B19 est un virus à génome ADN à simple brin d'environ 5,4 kbases ; c'est le seul érythrovirus répertorié à ce jour ; toutes les souches
5 qui ont été séquencées et qui ont fait l'objet d'une publication dans les banques de séquences (GenBank ou EMBL) présentent une faible variabilité génétique, (98 % de similitude en séquence nucléotidique sur l'ensemble du génome et 96 % de similitude sur la région VP1) (R.O. SHADE, *J. Virol.*, 1986, 58, 3, 921-936, B19-AU).

Le diagnostic virologique des infections à érythrovirus B19 repose
10 essentiellement sur la détection du génome viral, dans la mesure où la culture n'est pas réalisable en routine.

Pour les infections aiguës, à érythrovirus B19 (primo-infections), cette détection peut se faire par amplification génique (PCR), mais aussi par hybridation (*dot-blot*), compte tenu du titre viral, habituellement très élevé lors des primo-
15 infections (jusqu'à 10^{14} /ml de sérum) ; toutefois, le titre viral est beaucoup plus faible lors des infections chroniques et seule une méthode de détection par amplification génique est envisageable.

Ces techniques de détection sont tributaires de la variabilité génétique du virus recherché ; les réactifs, préparés à partir des séquences d'érythrovirus B19
20 connues, ne permettent pas de détecter les infections à érythrovirus variant, ni par amplification génique, ni par le sérodiagnostic B19.

En effet, les tests sérodiagnostics existants sont spécifiques de l'érythrovirus B19 (Demande Internationale PCT WO 91/12269 ; Demande Internationale PCT WO 96/09391 (IDEIA® Parvovirus B19 IgG et IgM, DAKO ; Parvo-
25 virus B19 IgG et IgM *Enzyme Immunoassay*, BIOTRIN)).

En conséquence, les techniques de détection précisées ci-dessus risquent d'aboutir à des résultats négatifs tant au niveau nucléaire qu'en ce qui concerne la réponse en anticorps.

La mise en évidence et la prise en compte de nouveaux variants sont
30 importantes pour mettre au point :

- des réactifs de détection et de diagnostic des infections à érythrovirus humain (sérodiagnostic, PCR, hybridation), suffisamment sensibles et spécifiques,

c'est-à-dire ne conduisant pas à des résultats faussement négatifs ou faussement positifs,

- des compositions aptes à protéger vis-à-vis de l'ensemble des infections à érythrovirus (vaccins) et

5 - des compositions aptes à traiter une infection à érythrovirus variant (sérothérapie, anticorps monoclonaux).

Les Inventeurs se sont donc donné pour but de pourvoir à des séquences issues d'érythrovirus, aptes à permettre la détection d'un érythrovirus variant (dénommé érythrovirus de type V9), c'est-à-dire génétiquement éloigné de
10 l'érythrovirus B19.

La présente invention a pour objet une séquence d'acide nucléique, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences issues d'un érythrovirus, qui, moléculairement, ne peut être reconnu comme un érythrovirus B19, et dénommé variant de type V9, car présentant une divergence ou
15 distance génétique $\geq 10\%$ sur l'ensemble du génome par rapport aux séquences de l'érythrovirus B19, la séquence SEQ ID NO:1 et les séquences nucléotidiques capables de s'hybrider avec ladite séquence ID NO:1.

La séquence SEQ ID NO:1 présente une carte de restriction différente de celle des érythrovirus B19, notamment pour ce qui concerne les sites BamHI
20 (aucun site), HindIII (un seul site) et PvuII (cinq sites).

De manière plus précise, la séquence SEQ ID NO:1 présente un profil de restriction différent de celui de l'érythrovirus B19, notamment par les sites de restriction suivants : Acc I, Afl III, Alw I, AlwN I, **Apa I**, Ava I, Ava II, Avr II, **BamH I**, Ban I, Ban II, Bbe I, Bbs I, BceF I, Bcg I, Bcn I, **Bgl II**, Bsg I, BsiE I, Bsm
25 I, BsmA I, Bsp120 I, BspH I, BspM I, BsrF I, Bst1107 I, BstE II, BstU I, Bsu36 I, Dpn I, Dra III, Dsa I, Eae I, Eag I, Ear I, Ecl136 I, EcoN I, Eco109 I, EcoR I, Ehe I, Fok I, Hae I, Hae III, Hga I, HgiA I, Hha I, Hinc II, **Hind III**, HinP I, Hpa I, Kas I, Mae II, Mbo I, Mcr I, Msc I, **Mun I**, Nar I, Nci I, Nco I, Nsi I, Nsp I, Nsp7524 I, NspB II, NspC I, PflM I, Pme I, Ppu10 I, PpuM I, Pst I, **Pvu II**, Sac I, Sau3A I, Sca I,
30 SfaN I, Sfc I, Sma I, Spe I, Sph I, Ssp I, Stu I, Sty I, Swa I, Tth111 I, Xba I, Xma I et leurs isoschizomères.

La présente invention a également pour objet des fragments de la séquence ID NO:1, aptes à permettre la détection d'un érythrovirus V9 et caractérisés en ce qu'ils comprennent une séquence nucléotidique sélectionnée dans le groupe constitué par :

- 5 a) une séquence correspondant aux positions 328-2340 de la SEQ ID NO:1, codant pour la protéine NS1 (SEQ ID NO:81),
- b) une séquence correspondant aux positions 1796-2017 de la SEQ ID NO:1, codant pour la protéine de 7,5 kDa (SEQ ID NO:83),
- c) une séquence correspondant aux positions 2336-4678 de la SEQ ID NO:1, codant
- 10 pour la protéine VP1 (SEQ ID NO:85),
- d) une séquence correspondant aux positions 2336-3016 de la SEQ ID NO:1, codant pour la protéine VP1u (SEQ ID NO:87),
- e) une séquence correspondant aux positions 2523-2828 de la SEQ ID NO:1, codant pour la protéine X (SEQ ID NO:89),
- 15 f) une séquence correspondant aux positions 3017-4678 de la SEQ ID NO:1, codant pour la protéine VP2 (SEQ ID NO:91),
- g) une séquence correspondant aux positions 4488-4883 de la SEQ ID NO:1, codant pour la protéine de 11 kDa (SEQ ID NO:93),
- h) une séquence nucléotidique capable de s'hybrider avec l'une des séquences SEQ ID
- 20 NO:1, SEQ ID NO:81, SEQ ID NO:83, SEQ ID NO:85, SEQ ID NO:87, SEQ ID NO:89, SEQ ID NO:91 ou SEQ ID NO:93,
- i) les séquences SEQ ID NO:2-80,
- j) les séquences SEQ ID NO:105 (E1905f), 106 (E1987r), 107 (E2076f), 108 (E2151r), 109 (E2406r), 110 (E2149rs), 111 (E2717f) et 112 (E2901r) et
- 25 k) les séquences complémentaires des séquences précédentes, les fragments issus des séquences précédentes d'au moins 17 nucléotides ou leurs séquences complémentaires.

Au sens de la présente invention, on entend par séquence nucléique ou séquence nucléotidique (séquence d'ADN ou d'ARN), l'une des séquences, telles que définies ci-dessus et leurs séquences complémentaires (séquences anti-sens) ainsi

30 que les séquences comprenant une ou plusieurs desdites séquences ou fragments de celles-ci.

L'invention englobe également des fragments nucléotidiques complémentaires des précédents ainsi que des fragments modifiés par rapport aux précédents, par enlèvement ou addition de nucléotides dans une proportion d'environ 15 %, par rapport à la longueur des fragments ci-dessus et/ou modifiés au niveau de la nature des nucléotides, dès lors que les fragments nucléotidiques modifiés conservent une capacité d'hybridation avec la séquence d'ADN ou d'ARN d'érythrovirus V9, analogue à celle que présentent les fragments correspondants non modifiés.

Certains de ces fragments sont spécifiques et sont utilisés comme sonde ou amorce ; ils s'hybrident spécifiquement à un érythrovirus V9 ou un érythrovirus apparenté ; on entend par virus apparenté à l'érythrovirus V9, un érythrovirus présentant une divergence génétique $< 10\%$; ces fragments sont sélectionnés dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:45-80 et NO:108 et 110, ou leurs séquences complémentaires, les séquences issues de ces séquences d'au moins 17 nucléotides et les séquences comprenant lesdites séquences et trouvent application dans l'identification spécifique d'un érythrovirus V9 ou d'un érythrovirus apparenté.

D'autres de ces fragments sont utilisés en tant qu'amorces, pour l'amplification de séquences issues d'un érythrovirus de type V9 ou apparenté, telle que la séquence SEQ ID NO:1 ; ces amorces sont choisies dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:2-44 et les séquences SEQ ID NO:105-109 et 111-112 ou leurs séquences complémentaires et les séquences issues desdites séquences, d'au moins 17 nucléotides.

Lesdits fragments incluent également, lorsqu'il s'agit d'amorces, les séquences anti-sens.

De telles séquences trouvent application pour l'identification différentielle des érythrovirus (érythrovirus B19 et érythrovirus V9), associées avec des sondes telles que définies ci-dessus et/ou à des enzymes de restriction convenables.

Lesdites amorces comprennent de préférence entre 17 et 30 nucléotides ; des amorces préférées, sont les suivantes : la séquence SEQ ID NO:105 (positions 1797-1815 de la séquence SEQ ID NO:1), qui correspond à un fragment de la séquence SEQ ID NO:10, la séquence SEQ ID NO:106 (positions 1899-1879 de la séquence SEQ ID NO:1), qui correspond à un fragment de la séquence anti-sens de la séquence SEQ ID NO:11, la séquence SEQ ID NO:107 (positions 1968-1987 de la

séquence SEQ ID NO:1), qui correspond à un fragment de la séquence SEQ ID NO:13, la séquence SEQ ID NO:108 (positions 2061-2043 de la séquence SEQ ID NO:1), qui correspond à un fragment de la séquence anti-sens de la séquence SEQ ID NO:58, la séquence SEQ ID NO:109 (positions 2317-2298 de la séquence SEQ ID NO:1), qui correspond à un fragment de la séquence anti-sens de la séquence SEQ ID NO:16, la séquence SEQ ID NO:111 (positions 2609-2627 de la séquence SEQ ID NO:1), qui correspond à un fragment de la séquence SEQ ID NO:19 et la séquence SEQ ID NO:112 (positions 2812-2793 de la séquence SEQ ID NO:1), qui correspond à un fragment de la séquence anti-sens de la séquence SEQ ID NO:23.

10

Des paires d'amorces préférées sont les suivantes :

- paire A : amorces SEQ ID NO:111 et SEQ ID NO:112 ;
- paire B : amorces SEQ ID NO:105 et SEQ ID NO:106 ;
- paire C : l'une des séquences SEQ ID NO :2-44, 105, 106, 107, 109, 111 ou 112 et l'une des séquence SEQ ID NO:45-80, 108 ou 110 ;
- paire D : amorce SEQ ID NO:107 et amorce SEQ ID NO:109 ;
- paire E : deux amorces sélectionnées parmi les séquences SEQ ID NO:2-44, 105, 106, 107, 109, 111 ou 112 ;
- paire F : deux amorces sélectionnées parmi les séquences SEQ ID NO:45-80, 108 ou 110.

20

Ces différentes amorces peuvent être utilisées, selon le fragment amplifié, comme amorce sens ou comme amorce anti-sens.

La présente invention a également pour objet un érythrovirus variant, caractérisé en ce qu'il ne peut être reconnu moléculairement comme un érythrovirus B19, en ce qu'il présente une divergence génétique $< 10 \%$ avec l'érythrovirus V9, tel que défini ci-dessus et en ce que son génome s'hybride spécifiquement avec l'une des séquences SEQ ID NO:45 à 80, 108 et 110, telle que définie ci-dessus.

La présente invention a également pour objet un plasmide, caractérisé en ce qu'il comprend le génome viral d'une souche d'érythrovirus variant, dénommée érythrovirus V9, ne pouvant être reconnue moléculairement comme un érythrovirus B19 et présentant avec ce dernier une divergence génétique $\geq 10 \%$ sur l'ensemble du génome, par rapport aux séquences de l'érythrovirus B19. Le génome viral dudit érythrovirus V9 est considéré comme génétiquement éloigné de l'érythrovirus B19.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit plasmide, il inclut la séquence SEQ ID NO:1.

Conformément à ce mode de réalisation, ledit plasmide a été déposé auprès de la Collection Nationale de Culture de Microorganismes (CNCM) en date du 18 novembre 1997 sous le n° I-1940, incorporé dans une bactérie *Escherichia coli*.

La présente invention a également pour objet un réactif de diagnostic pour la détection différentielle des érythrovirus de type V9, caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences SEQ ID NO:45-80, 108 et 110, éventuellement marquées avec un marqueur approprié.

Parmi les marqueurs appropriés, on peut citer, les isotopes radioactifs, les enzymes, les fluorochromes, des marqueurs chimiques (biotine...), les haptènes (digoxygénine...) et les anticorps ou analogues de bases appropriées.

La présente invention a également pour objet un procédé de détection rapide et différentiel des érythrovirus, par hybridation et/ou amplification génique, réalisé à partir d'un échantillon biologique, lequel procédé est caractérisé en ce qu'il comprend :

(1) une étape dans laquelle l'on met en contact un échantillon biologique à analyser avec au moins une sonde de séquence SEQ ID NO:45-80, 108 ou 110 et

(2) une étape dans laquelle on détecte par tout moyen approprié le ou les produits résultant de l'interaction séquence nucléotidique d'érythrovirus-sonde.

De manière préférée, l'hybridation comprend une préhybridation est réalisée dans un tampon qui comprend 5-60 % de formamide ; 1-5X SSC ; 2 % de réactif de blocage (*Blocking buffer*, Boehringer Mannheim, Meylan, France) ; 0,1 % de N-lauryl sarcosine ; 0,01-5 % de SDS, à 40-70°C pendant 90 minutes, puis l'hybridation est réalisée dans 3 ml d'un tampon de même composition avec 10 µl de sonde marquée à 40-70°C pendant 1-30 heures.

Conformément audit procédé, il peut comprendre, préalablement à l'étape (1) :

. une étape d'extraction de l'acide nucléique à détecter, appartenant au génome du virus, éventuellement présent dans l'échantillon biologique, et

. au moins un cycle d'amplification génique.

L'étape d'amplification génique est notamment réalisée à l'aide d'une des techniques d'amplification génique suivante : amplification par la Q β -réplicase (I. Haruna et al., Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 1965, **54**, 579-587), PCR (réaction de polymérisation en chaîne) (R.K. Saiki et al., 1986, Nature, **324**:163-6), LCR (*ligase chain reaction*) (F. Barany, Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 1991, **88**, 189-193), ERA (*end-run amplification*) (C. Adams et al., 1994, *Novel amplification technologies for DNA/RNA-based diagnostics meeting*, San Francisco, CA, Etats-Unis), CPR (*cycling probe reaction*) (P. Duck et al., Biotechniques, 1990, **9**, 142-147) ou SDA (*strand displacement amplification*) (GT. Walker, 1994, *SDA: novel amplification technologies for DNA/RNA-based diagnostics meeting*, San Francisco, CA, Etats-Unis).

Selon un mode de mise en oeuvre avantageux dudit procédé, les cycles d'amplification sont réalisés à l'aide d'une paire d'amorces sélectionnée parmi les séquences SEQ ID NO:2-44, 105-109 et 111-112 et les fragments de ces séquences, de manière préférée parmi les paires d'amorces telles que définies ci-dessus.

Lorsque l'on utilise la paire A, le produit d'amplification est avantageusement criblé par action de l'enzyme de restriction Apa I : le produit d'amplification d'un génome B19 est clivé par Apa I (générant 2 fragments de 149 et 55 paires de bases (pb)) alors que le produit d'amplification d'un génome V9 n'est pas clivé par Apa I (un fragment de 204 pb) ; une électrophorèse sur gel d'agarose ou d'acrylamide permet de distinguer ces fragments de restriction.

Lorsque l'on utilise la paire B, le produit d'amplification est avantageusement criblé par action de l'une des enzymes de restrictions suivantes : BglII, ou MunI ; on obtient ainsi différents fragments selon qu'il s'agit d'un érythroviurs V9 ou B19 ; un fragment qui comprend un site de restriction BglII est spécifique de l'érythrovirus V9 variant tel que défini ci-dessus, alors que les érythrovirus B19 comprennent dans cette zone, un site MunI. Le produit d'amplification d'un génome B19 est clivé par MunI (générant 2 fragments de 36 et 67 pb) et n'est pas clivé par BglII (un fragment de 103 pb) alors que le produit d'amplification d'un génome V9 est clivé par BglII (2 fragments de 19 et 84 pb) et n'est pas clivé par MunI (un fragment de 103 pb) ; une électrophorèse sur gel d'agarose ou d'acrylamide permet de distinguer ces différents fragments de restriction.

Lorsque l'on utilise la paire C (une amorce apte à hybrider avec tous les érythrovirus et une amorce apte à hybrider de manière spécifique avec l'érythrovirus V9) ou la paire F (deux amorces aptes à hybrider de manière spécifique avec l'érythrovirus V9), le génome V9 est amplifié alors qu'il n'y a pas d'amplification spécifique avec le génome B19.

Lorsque l'on utilise la paire D, le produit d'amplification est avantageusement criblé par hybridation avec une sonde spécifique marquée de l'érythrovirus V9, sélectionnée parmi les séquences SEQ ID NO:58-60 et 110, de préférence par hybridation avec la sonde de séquence SEQ ID NO:110 ; le produit d'amplification d'un génome V9 hybride de manière spécifique avec ces sondes et notamment la sonde de séquence SEQ ID NO:110, alors que le produit d'amplification d'un génome B19 n'hybride pas avec les sondes précitées.

Lorsque l'on utilise la paire E, le produit d'amplification est criblé par tout procédé d'hybridation avec une sonde spécifique de l'érythrovirus V9 sélectionnée parmi les séquences SEQ ID NO:45-80, 108 et 110 ; dans ce cas, le produit d'amplification d'un génome V9 hybride avec la sonde, mais pas le produit d'amplification d'un génome B19.

L'invention a également pour objet l'utilisation des séquences décrites ci-dessus, de fragments issus de ces séquences ou de leurs complémentaires, pour la mise en oeuvre d'un procédé d'hybridation ou d'amplification génique de séquence nucléiques d'érythrovirus, ces procédés étant applicables au diagnostic *in vitro* de l'infection potentielle d'un individu par un érythrovirus de type V9.

La présente invention a également pour objet un procédé de criblage et de typage d'un érythrovirus V9 ou apparenté, caractérisé en ce qu'il comprend la mise en contact d'une sonde sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:45-80, 108 et 110, éventuellement marquée, avec l'acide nucléique du virus à typer et la détection de l'hybride acide nucléique-sonde obtenu.

La présente invention a également pour objet des produits de traduction, caractérisés en ce qu'ils sont codés par une séquence nucléotidique telle que définie ci-dessus.

La présente invention a également pour objet une protéine, caractérisée en ce qu'elle est notamment susceptible d'être exprimée à l'aide d'une séquence

nucléotidique sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO: 81, 83, 85, 87, 89, 91 et 93, telles que définies ci-dessus et les peptides dérivés comprenant entre 7 et 50 amino-acides.

On entend par peptide, ci-après, aussi bien les protéines que les peptides, tels que définis ci-dessus.

De tels peptides sont notamment aptes à être reconnus par des anticorps induits par un érythrovirus V9 et/ou à induire la production d'anticorps anti-érythrovirus V9.

Lesdits peptides sont notamment sélectionnés parmi les séquences SEQ ID NO:82 (protéine NS1), SEQ ID NO:86 (protéine VP1), SEQ ID NO:88 (protéine VP1 unique), SEQ ID NO:92 (protéine VP2) et SEQ ID NO:95-104, à savoir des fragments de la protéine VP1 [peptide VP1a (SEQ ID NO:95) ; peptide VP1b (SEQ ID NO:96) ; peptide VP1c (SEQ ID NO:97) peptide VP1d (SEQ ID NO:98) ; peptide VP1e (SEQ ID NO:99 et peptide VP1f (SEQ ID NO:100)], ou des fragments de la protéine VP2 [peptide VP2a (SEQ ID NO:101) ; peptide VP2b (SEQ ID NO:102) ; peptide VP2c (SEQ ID NO:103) ; peptide VP2d (SEQ ID NO:104] ainsi que les peptides dérivés comprenant 7 à 50 aminoacides.

L'invention a également pour objet des compositions immunogènes comprenant un ou plusieurs produits de traduction des séquences nucléotidiques selon l'invention et/ou l'un des peptides tels que définis ci-dessus, obtenus, notamment de manière synthétique.

L'invention a également pour objet les anticorps dirigés contre l'un ou plusieurs des peptides décrits ci-dessus et leur utilisation pour la mise en œuvre d'une méthode de diagnostic *in vitro*, notamment différentielle de l'infection d'un individu par un érythrovirus.

La présente invention a également pour objet un procédé de détection immunologique d'une infection à érythrovirus V9, caractérisé en ce qu'il comprend :

- pour la détection des anticorps anti-érythrovirus V9, la mise en contact d'un échantillon biologique avec un peptide selon l'invention (sérodiagnostic),
- pour la détection des protéines virales d'érythrovirus V9, la mise en contact d'un échantillon biologique avec un anticorps selon l'invention ;

la lecture du résultat étant révélée par un moyen approprié, notamment EIA, ELISA, RIA, fluorescence.

A titre d'illustration, une telle méthode de diagnostic *in vitro* selon l'invention comprend la mise en contact d'un échantillon biologique prélevé chez un patient, avec des anticorps selon l'invention ou des peptides selon l'invention, et la
5 détection à l'aide de tout procédé approprié, notamment à l'aide d'anti-immunoglobulines marquées, des complexes immunologiques formés entre les antigènes ou les anticorps des érythrovirus éventuellement présents dans l'échantillon biologique et lesdits anticorps ou lesdits peptides, respectivement.

10 Les réactifs selon l'invention sont notamment utiles pour la détection des érythrovirus V9 et apparentés chez les femmes enceintes, chez les patients VIH-positifs présentant une anémie et/ou une thrombopénie chronique, les greffés d'organe ou de moelle, et les patients présentant une anémie aiguë centrale et dont les tests de détection de l'érythrovirus B19 sont négatifs.

15 L'invention a en outre pour objet une trousse de diagnostic d'érythrovirus, caractérisée en ce qu'elle inclut au moins un réactif selon l'invention (sondes, paires d'amorces, peptides ou anticorps).

Outres les dispositions qui précèdent, l'invention comprend encore d'autres dispositions, qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des
20 exemples de mise en œuvre du procédé objet de la présente invention ainsi qu'aux dessins annexés, dans lesquels :

- les figures 1, 2 et 3 illustrent les arbres phylogénétiques de l'érythrovirus V9 : figure 1 : arbre phylogénétique de la séquence complète d'érythrovirus ; figure 2 : arbre phylogénétique des gènes NS1 d'érythrovirus ; figure
25 3 : arbre phylogénétique des gènes VP1 d'érythrovirus ;

- les figures 4, 5 et 6 représentent les distances génétiques des séquences complètes d'érythrovirus (figure 4), des gènes NS1 (figure 5) et des gènes VP1 (figure 6) d'érythrovirus.

- la figure 7 illustre la carte de restriction de la séquence ID NO:1.

30 Il doit être bien entendu, toutefois, que ces exemples sont donnés uniquement à titre d'illustration de l'objet de l'invention, dont ils ne constituent en aucune manière une limitation.

EXEMPLE 1 : Obtention des séquences conformes à l'invention.

Un fragment de restriction Aat II/Aat II de 5 028 pb représentant la quasi totalité (95 %) du génome du variant V9 a été cloné dans le vecteur de séquençage pcDNA2.1 (Invitrogen, Netherlands) de la façon suivante.

5 L'ADN viral simple brin est extrait du sérum d'un patient présentant une crise érythroblastopénique aiguë à l'aide d'une colonne QIAamp Blood Kit (Qiagen S.A., France). Par une étape d'hybridation dans un tampon NaCl 50 mM à 56°C pendant 16 heures, l'ADN viral est transformé en ADN double brin. Puis 1,3 µg d'ADN viral double brin est soumis à l'enzyme de restriction Aat II (18 U) à 37°C pendant 2
10 heures, l'enzyme de restriction est ensuite inactivée à 65°C pendant 15 minutes. Le produit est dialysé sur membrane d'acétate et de nitrate de cellulose Millipore® VSWPO13000 contre de l'eau pendant 2 heures. Le fragment de restriction Aat II/Aat II d'ADN viral double brin ainsi préparé est congelé à -20°C en attendant l'étape de ligation.

15 Le vecteur pcDNA2.1 est modifié pour recevoir le fragment Aat II par mutagenèse dirigée insertionnelle : le site de restriction Eag I du multisite de clonage a été supprimé et remplacé par un site Aat II. Le vecteur pcDNA2.1a, ainsi produit, est amplifié en culture bactérienne et purifié à l'aide d'un QIAfilter Plasmid Maxi Kit (Qiagen S.A., France). Puis 3 µg du vecteur pcDNA2.1a est soumis à une
20 restriction par l'enzyme Aat II à 37°C pendant 1 heure, puis déphosphorylé par la phosphatase alcaline de crevette (Boehringer Mannheim, Meylan France). Les enzymes sont inactivées à 65°C pendant 15 minutes.

La ligation est réalisée avec un rapport molaire vecteur/ insert d'ADN viral de 1/1 soit 50 ng de vecteur et 100 ng d'insert d'ADN viral, préparés
25 comme décrits ci-dessus, à l'aide de 1 U de ligase T4 (Life Technologies, France) à 24 °C pendant 16 heures. Après dilution au 1/2, le produit de ligation est chauffé à 65°C pour inactiver la ligase T4 puis refroidi sur de la glace. Des bactéries électro-compétentes Sure® (Stratagene, Heidelberg Allemagne) sont électroporées avec 2 ou
30 4 µl de cette solution de ligation (1500 V, 50 µF, 200 Ω) puis mises à incuber avec 1 ml de milieu SOC (Life Technologies, France) pendant 1 heure avant d'être étalées sur un milieu gélosé Luria Broth (Life Technologies, France) contenant 100 µg/ml d'amoxycilline, 15 µg/ml de tétracycline, 100 µg/ml d'IPTG et 50 µg/ml de X-gal.

Vingt quatre colonies blanches (recombinantes) ont été sélectionnées ; leur plasmide est extrait par minipréparation d'ADN et une carte de restriction sommaire (Aat II, Aat II + BamH I, BamH I, BamH I + Bgl II, Hind II) a permis de sélectionner 2 clones recombinants avec un insert de taille et de carte de restriction
5 compatibles avec un insert d'ADN viral V9.

Ces 2 clones (2 et 22) ont été séquencés à l'aide d'un séquenceur automatique ABI 377 (Perkin Elmer, France) : ils contiennent bien un insert de 5 028 pb, les 2 séquences sont identiques sauf à la position 1165 (A et G pour les clones 2 et 22 respectivement). La séquence directe de l'ADN viral V9 a permis de
10 déterminer que c'est le G en position 1165 qui est correct, c'est donc le clone 22 qui a été sélectionné pour être déposé à la Collection Nationale de Culture des Microorganismes (Institut Pasteur, Paris France) sous le n° I-1940, le 18 novembre 1997, et dont la séquence correspond à SEQ ID NO:1.

Les figures 1 à 6 montrent les distances génétiques qui existent entre
15 l'érythrovirus V9 et l'érythrovirus B19. Dans ces figures, les différentes séquences d'érythrovirus sont représentées par leur mnémonique dans GeneBank (*release* 103.0 d'octobre 1997).

EXEMPLE 2 : Diagnostic d'un érythrovirus de type V9 par hybridation ADN (dot blot ou slot blot ou microplaque) avec une sonde spécifique.

L'ADN viral est extrait par exemple à l'aide d'une colonne QIAamp Blood Kit (Qiagen S.A., France) ou de tout autre procédé d'extraction des acides nucléiques à partir d'un prélèvement biologique (sang, sérum, plasma, liquide amniotique, moelle osseuse, tissus). L'ADN en solution est dénaturé à 95°C pendant 2 minutes puis refroidi sur de la glace, transféré sur membrane de Nylon ou d'acétate de
25 cellulose par filtration sous vide, puis fixé (chauffage de la membrane à 80°C pendant 1 heure). La membrane est ensuite hybridée avec une sonde ADN ou ARN spécifique de V9, telle que la séquence SEQ ID NO:1 ou son complémentaire ou un fragment de celle-ci, en particulier les séquences SEQ ID NO:45 à SEQ ID NO:80 et 110 ou leur complémentaire, ou un fragment de ces séquences marquées de manière appropriée. Ce
30 marquage peut être un marquage avec un radio-élément (^{32}P , ^{33}P , ^{35}S , ^3H , ^{14}C ou un autre radio-isotope), un marquage froid (biotine, marqueur fluorescent, digoxygénine ou tout autre molécule pouvant être couplée ou incorporée dans un fragment d'ADN

ou d'ARN et pouvant être détectée par un anticorps spécifique, ou par un chélate de ruthénium). Dans le cas d'un marquage par un élément radioactif, la révélation est effectuée par auto-radiographie ou tout autre procédé permettant la détection de l'émission du radio-isotope (tel que le Phosphorimager, Molecular Dynamics, Bondoufle, France). Dans le cas d'un marquage à la biotine, la révélation est effectuée à l'aide d'un conjugué enzyme/streptavidine et un substrat de révélation adapté. Dans le cas d'un marquage fluorescent, la révélation se fait à l'aide d'un fluoro-Imager (Molecular Dynamics, Bondoufle, France) ou de tout autre appareil capable de détecter l'émission de fluorescence. Dans le cas d'un marquage à la digoxygénine (ou avec un autre antigène) la révélation se fait à l'aide d'un anticorps anti-digoxygénine (ou spécifique de l'antigène utilisé pour le marquage), couplé directement à une enzyme (phosphatase alcaline, peroxydase ou toute autre enzyme), ou de manière indirecte par un anticorps anti-digoxygénine (ou spécifique de l'antigène utilisé pour le marquage) et un anti-anticorps couplé à une enzyme. Un substrat adapté à l'enzyme du conjugué est utilisé pour la révélation. Dans le cas d'un marquage par chélate de ruthénium (comme le TBR) la révélation s'effectue par une réaction d'électrochemiluminescence (G.F. Blackburn et al., Clin. Chem., 1991, 37:1534-1539).

Une variante de cette technique comprend la fixation de l'ADN viral sur micro-plaque ou un autre support solide et l'hybridation avec une sonde marquée comme précisé ci-dessus.

Une autre variante de cette technique comprend la fixation d'une sonde non marquée sur une micro-plaque ou un autre support solide et l'hybridation avec l'ADN viral de l'échantillon qui aura été préalablement marqué.

EXEMPLE 3 : Diagnostic d'un érythrovirus de type V9 par amplification génique (PCR ou *polymerase chain reaction*) et hybridation :

On extrait de l'ADN viral à partir d'un échantillon biologique (sang, sérum, plasma, liquide amniotique, moelle osseuse, tissus), à l'aide d'une colonne QIAamp Blood Kit (Qiagen S.A., France) ou de tout autre procédé d'extraction des acides nucléiques.

La PCR est réalisée selon la méthode décrite par Saiki et al. (Nature, 1986, 324:163-62) avec 10 µl de solution d'ADN dans un volume final de 100 µl de mélange réactionnel (50 mM KCl ; 10 mM Tris-HCl pH 8,3 ; 2,5 mM MgCl₂ ; 200 µM

dNTP; 25 pmoles d'oligonucléotides sens et anti-sens) avec 1,5 UI d'AmpliTaq Gold™ (Perkin Elmer, France). Les amorces d'amplification sont des oligonucléotides de 20 à 25 mers choisis pour n'amplifier que l'ADN du variant V9 : soit les 2 amorces (sens et anti-sens) sont des fragments des séquences spécifiques du V9 (SEQ ID NO:45 à 80, 108 et 110) ou leurs complémentaires, soit l'une des amorces est choisie parmi ces séquences spécifiques du V9 (SEQ ID NO:45-80, 108 et 110) ou leurs complémentaires tandis que l'autre amorce est choisie parmi les séquences aptes à hybrider aussi bien les érythrovirus B19 que les érythrovirus V9 (SEQ ID NO:2 à 44, 105-107, 109 et 111-112) ou leurs complémentaires. Les cycles de températures sont imposés au mélange réactionnel par un thermocycleur (T9600, Perkin Elmer, France) selon le programme suivant :

1 cycle :

- 6 minutes à 95°C

5 cycles :

- 60 secondes à 95°C

- 30 secondes à 60°C

- 30 secondes à 72°C

45 cycles :

- 30 secondes à 95°C

- 30 secondes à 60°C

- 30 secondes à 72°C

1 cycle :

- 5 minutes à 72°C

Le produit d'amplification est déposé sur un gel d'agarose à 1,3 % pour subir une séparation électrophorétique et un transfert sur une membrane de Nylon chargée par capillarité selon une technique classique (Sambrook J. et al., 1989, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor).

La sonde est un oligonucléotide de 20-30 mers, fragment d'une séquence spécifique du V9 (SEQ ID NO:45 à 80, 108 et 110) ou leurs complémentaires. Elle est marquée en 3' par du DIG-dUTP à l'aide du kit DIG *Oligonucleotide Tailing* (Boehringer Mannheim, Meylan, France).

La membrane de transfert est préhybridée dans un tampon comprenant (50 % formamide ; 5X SSC ; 2 % de réactif de blocage (Boehringer Mannheim, Meylan, France) ; 0,1 % de N-lauryl sarcosine ; 0,02 % de SDS), à 42°C pendant 90 minutes. L'hybridation est réalisée dans 3 ml d'un tampon de même composition avec
 5 10 µl de sonde marquée à 42°C pendant 16 heures. La membrane est lavée 2 fois en tampon 2X SSC; 0,1 % SDS à 60°C pendant 10 minutes, puis 2 fois en tampon 1X SSC ; 0,1 % SDS à 60°C pendant 10 minutes. La membrane est ensuite révélée avec le DIG Luminescent Detection Kit (Boehringer Mannheim, Meylan, France) et une autoradiographie.

10 **EXEMPLE 4 : Diagnostic de groupe et diagnostic différentiel des érythrovirus de type B19 et V9 par amplification génique et hybridation:**

On extrait de l'ADN viral à partir d'un échantillon biologique (sang, sérum, plasma, liquide amniotique, moelle osseuse, tissus) à l'aide d'une colonne QIAamp Blood Kit (Qiagen S.A., France) ou de tout autre procédé d'extraction des
 15 acides nucléiques.

La PCR est réalisée selon la méthode décrite par Saiki et al. (Nature, 1986, précité) avec 10 µl de la solution d'ADN dans un volume final de 100 µl de mélange réactionnel (50 mM KCl ; 10 mM Tris-HCl pH 8,3 ; 2,5 mM MgCl₂ ; 200 µM dNTP ; 25 pmoles d'oligonucléotides sens et anti-sens) avec 1,5 UI d'AmpliTaq Gold™
 20 (Perkin Elmer, France). Les amorces d'amplification sont des oligonucléotides de 20 à 25 mers choisis pour amplifier l'ADN du B19 et du variant V9 : les 2 amorces (sens et anti-sens) sont des fragments des séquences aptes à s'hybrider aussi bien avec les érythrovirus B19 qu'avec les érythrovirus V9 (SEQ ID NO:2 à 44, 105-107, 109, 111-112) ou de leurs complémentaires. Les cycles de températures sont imposés au
 25 mélange réactionnel par un thermocycleur (T9600, Perkin Elmer, France) selon le programme suivant :

1 cycle :

- 6 minutes à 95°C

5 cycles :

30 - 60 secondes à 95°C

- 30 secondes à 60°C

- 30 secondes à 72°C

45 cycles :

- 30 secondes à 95°C

- 30 secondes à 60°C

- 30 secondes à 72°C

5

1 cycle :

- 5 minutes à 72°C

Le produit d'amplification est déposé sur un gel d'agarose à 1,3% pour subir une séparation électrophorétique et un transfert sur une membrane de Nylon chargée par capillarité selon une technique classique (J. Sambrook et al., 1989, 10 précité).

La sonde est un oligonucléotide de 20-30 mers, fragment d'une séquence spécifique du V9 (SEQ ID NO:45-80, 108 et 110) ou de leurs complémentaires, ou bien spécifique du B19, ou enfin qui s'hybride aussi aux B19 qu'aux V9 (SEQ ID NO:2 à 44 ou 105-107, 109, 111-112), si on cherche à réaliser un diagnostic 15 de groupe. Elle est marquée en 3' par du DIG-dUTP à l'aide du kit DIG oligonucleotide tailing (Boehringer Mannheim, Meylan, France).

La membrane de transfert est préhybridée et hybridée dans les mêmes conditions que celles exposées à l'exemple 3.

EXEMPLE 5 : Diagnostic de groupe et diagnostic différentiel des érythrovirus de type B19 et V9 par amplification génique et enzymes de restriction. 20

Extraction de l'ADN viral à partir d'un échantillon biologique (sang, sérum, plasma, liquide amniotique, moelle osseuse, tissus) à l'aide d'une colonne QIAamp Blood Kit (Qiagen S.A., France) ou de tout autre procédé d'extraction des acides nucléiques.

25 La PCR est réalisée selon la méthode décrite par Saiki et al. (Nature, 1986, précité) avec 10 µl de la solution d'ADN dans un volume final de 100 µl de mélange réactionnel (50 mM KCl ; 10 mM Tris-HCl pH 8,3 ; 2,5 mM MgCl₂ ; 200 µM dNTP ; 25 pmoles d'oligonucléotides sens et anti-sens) avec 1,5 UI d'AmpliTaq Gold™ (Perkin Elmer, France). Les amorces d'amplification sont des oligonucléotides de 20 à 30 25 mers choisis pour amplifier l'ADN du B19 et du variant V9 : les 2 amorces (sens et anti-sens) sont des fragments des séquences aptes à hybrider aussi bien l'érythrovirus B19 que l'érythrovirus V9 (SEQ ID NO:2 à 44 ou 105-107, 109, 111-112) ou leurs

complémentaires, par exemple avec la paire d'amorces B. Les cycles de températures sont imposés au mélange réactionnel par un thermocycleur (T9600, Perkin Elmer, France) selon le programme suivant :

- 1 cycle :
- 5 - 6 minutes à 95°C
- 5 cycles :
- 60 secondes à 95°C
- 30 secondes à 60°C
- 30 secondes à 72°C
- 10 45 cycles :
- 30 secondes à 95°C
- 30 secondes à 60°C
- 30 secondes à 72°C
- 1 cycle :
- 15 - 5 minutes à 72°C

Un aliquot du produit d'amplification (10 µl) est soumis à l'action de l'enzyme de restriction Bgl II, un autre aliquot (10 µl) est soumis à l'enzyme de restriction Mun I. Ces 2 aliquots ainsi que 10 µl du produit d'amplification n'ayant pas subi l'action des enzymes de restriction sont déposés sur un gel d'agarose à 1,3 % pour subir une séparation électrophorétique selon une technique classique (J. Sambrook et al., 1989, précité). Le diagnostic d'érythrovirus B19 ou V9 est obtenu selon que le produit d'amplification est clivé par Mun I ou Bgl II, respectivement.

Ainsi que cela ressort de ce qui précède, l'invention ne se limite nullement à ceux de ses modes de mise en oeuvre, de réalisation et d'application qui viennent d'être décrits de façon plus explicite ; elle en embrasse au contraire toutes les variantes qui peuvent venir à l'esprit du technicien en la matière, sans s'écarter du cadre, ni de la portée, de la présente invention.

LISTE DE SEQUENCES

(1) INFORMATIONS GENERALES:

(i) DEPOSANT:

- (A) NOM: ASSISTANCE PUBLIQUE-HOPITAUX DE PARIS
- (B) RUE: 3 AVENUE VICTORIA
- (C) VILLE: PARIS
- (E) PAYS: FRANCE
- (F) CODE POSTAL: 75004

(ii) TITRE DE L' INVENTION: ERYTHROVIRUS HUMAIN, FRAGMENTS DUDIT VIRUS
AINSI QUE LEURS APPLICATIONS.

(iii) NOMBRE DE SEQUENCES: 112

(iv) FORME DECHIFFRABLE PAR ORDINATEUR:

- (A) TYPE DE SUPPORT: Floppy disk
- (B) ORDINATEUR: IBM PC compatible
- (C) SYSTEME D' EXPLOITATION: PC-DOS/MS-DOS
- (D) LOGICIEL: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (OEB)

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 1:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 5028 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 1:

GACGTCACAG GAAATGACGT AACTGTCCGC CATCTGTAC CGGAAGTCCC GCCTACCGGC	60
GGCGACCGGC GGCATCTGAT TTGGTGTCTT CTTTTTGAAA TTTTGGCGGG CTTTTTCCCG	120
CCTTATGCAA ATAAGCGGCC ATGTTTAATG TTATATTTTA ATTTAATTGG ACAAACGCCT	180
AACGGTACT AGGGGCGGAG TTACGGGCGG TATATAAGCA GCTGCGTTCC CTGACACTTT	240
CTTTTCTGGT TGCTTTTGAC TGGAATCAC TTGCTGTTCT TTGCCTGCTA AGTAACAGGT	300
ATTTATACTA ACTTTTAATT TACTAACATG GAGCTATTTT GGGGTGTCTT GCACATTTCC	360
TCTAACATTC TGGACTGTGC TAATGATAAC TGGTGGTGCT CTATGCTAGA CTTAGATACT	420
TCTGACTGGG AACCACTAAC CCATTCTAAC AGATTAATGG CAATATATTT AAGCAGTGTT	480
GCTTCTAAAC TTGATTTTAC TGGGGGGCCG CTAGCAGGTT GCTTATACTT TTTTCAGGTG	540
GAATGTAACA AATTGAGGA AGGCTATCAT ATCCATGTAG TTATTGGTGG TCCAGGACTA	600
AATGCTAGAA ACTTAACTGT GTGCGTAGAA GGTTTATTTA ATAATGTTCT TTACCATCTT	660
GTAAGTAAA GTGTTAACT TAAATTTTGT CCAGGGATGA CTACCAAAGG AAAATATTTT	720
AGAGATGGAG AGCAGTTTAT AGAAAATTAC TTAATGAAAA AAATTCCTTT AAATGTTGTG	780
TGGTGTGTAA CAAATATTGA CGGGTATATA GACACCTGTA TTTCCGCCTC TTTTCGGCGA	840
GGAGCTTGTC ATGCTAAAAG ACCCCGCATT ACTGCAAATA CAGACAGTGC TACTAATGAA	900
ACTGGGGAGT CTAGCTGTGG AGGGGGAGAT GTTGTGCCAT TCGCTGAAA GGAACAAAA	960

GCGGGGTTAA AGTTTCAAAC CATGGTAAAT TGGCTATGTG AAAACAGAGT ATTTACTGAA	1020
GATAAATGGA AATTAGTGGA TTTTAACCAA TATACTTTAT TAAGTAGCAG TCACAGTGGC	1080
AGCTTTCAAA TTCAAAGTGC CTTAAAGTTA GCTATTTATA AAGCTACTAA CTTAGTACCC	1140
ACTAGTACAT TCTTGTTACA TTCAGACTTT GAGCAGGTTA CTTGCATTAA AGAAAAATAA	1200
ATAGTAAAAT TATTATTGTG TCAAAACTAT GATCCTCTTT TAGTGGGTCA ACATGTGTGA	1260
AGGTGGATTG ACAAAAAATG TGGTAAAAAA AACACCCTGT GGTTTTACGG GCCACCAAGT	1320
ACTGGAAAAA CAAATTTGGC AATGGCTATT GCTAAACTG TACCAGTGTA TGAATGGTG	1380
AATTGGAATA ATGAAACTT TCCATTTAAT GATGTAGCGG GGAAAAGTTT GGTGGTCTGG	1440
GATGAAGGCA TTATTAAGTC CACTATTGTG GAAGCTGCAA AAGCCATTTT AGGTGGTCAG	1500
CCAACCAGGG TAGATCAGAA AATGCGTGGC AGTGTGGCAG TGCCCGGTGT GCCTGTGGTT	1560
ATAACCAGCA ATGGTGACAT TACATTTGTT GTGAGTGGTA ATACCACTAC AACTGTGCAT	1620
GCTAAAGCCT TAAAGGAACG GATGGTAAAG CTAAACTTTA CCATAAGATG TAGCCCTGAC	1680
ATGGGTTTAC TTACAGAGGC TGATGTACAA CAATGGCTAA CTTGGTGTA TGCACAAAGC	1740
TGGAGCCACT ATGAAACTG GGCAATAAAC TACACATTTG ATTTCCCTGG AATAAATGCA	1800
GATGCCCTCC ACCCAGATCT CCAAACCACC CCCATTGTCC CAGACACCAG TATCAGCAGC	1860
AGTGGTGGTG AAAGCTCTGA AGAACTCAGT GAAAGCAGCT TTTTCAACCT CATCACTCCA	1920
GGCGCCTGGA ACAGTGAAAC CCCGCGCTCT AGTACGCCCG TCCCCGGGAC CAGTTCAGGA	1980
GAATCATTTG TCGGAAGCCC AGTTTCCTCC GAAGTGGTAG CCGCGTCGTG GGAGGAAGCT	2040
TTTTACACGC CGCTTGCCGA TCAGTTTCGT GAAGTGTTAG TAGGGGTGA CTTTGTATGG	2100
GATGGTGTGA GGGGATTGCC TGTTTGCTGT GTGGAACATA TAAACAACAG TGGGGGAGGG	2160
TTGGGGCTTT GCCCTCATTG TATTAATGTG GGAGCTGGT ATAATGGATG GAAATTTAGA	2220
GAGTTTACTC CAGACTTAGT GCGCTGCAGT TGTCATGTAG GAGCCTCTAA CCCATTTTCT	2280
GTGTTAACTT GTAAAAATG TGCTTACCTG TCTGGATTAC AAAGTTTGT AGATTATGAG	2340
TAAAACCACT AACAAATGGT GGGAAAGCAG TGACAAATTT GCCCAGGACG TGTATAAGCA	2400
GTTTGTGCAA TTTTATGAAA AAGCTACTGG AACAGACTTA GAGCTTATTC AAATTTTAAA	2460
AGACCATTAC AACATTTCTT TAGATAATCC TTTAGAAAAC CCCTCTTCTT TATTGACTT	2520
AGTTGCTCGC ATTAAAAGTA ATCTTAAAAA CTCTCCAGAC CTATATAGTC ATCATTTTCA	2580
GAGCCATGGA CAGTTATCTG ACCACCCCCA TGCCTTATCA TCCAGTAACA GTAGTGCAGA	2640
ACCTAGAGGA GAAAATGCAG TATTATCTAG TGAAGACTTA CACAAGCCTG GGCAAGTTAG	2700
CATACAATTA CCCGGTACTA ACTATGTTGG GCCTGGCAAT GAGCTACAAG CTGGGCCTCC	2760
GCAGAATGCT GTGGACAGTG CTGCAAGGAT TCATGACTTT AGGTATAGCC AATTGGCTAA	2820
GTTGGGAATA AATCCTTATA CACATTGGAC GGTAGCAGAT GAAGAATTGT TAAAAAATAT	2880
AAAAAATGAA ACAGGGTTTC AAGCACAAGC AGTAAAAGAT TACTTTACTT TAAAAGGTGC	2940
AGCTGCCCCCT GTGGCCCAT TCAAGGAAG TTTACCGGAA GTGCCCGCGT ACAACGCCTC	3000
AGAAAAATAC CCCAGCATGA CTTCAAGTTAA CTCTGCAGAA GCCAGCACTG GTGCAGGCGG	3060

GGGAGGTAGC AACCTACAA AAAGCATGTG GAGTGAAGGG GCTACATTTA CTGCTAATTC	3120
TGTAACGTGT ACATTCTCTA GGCAATTTT AATTCCATAT GATCCAGAGC ATCATTATAA	3180
AGTGTTCTCT CCAGCAGCTA GTAGCTGCCA CAATGCTAGT GGGAAAGAGG CAAAAGTGTG	3240
CACTATTAGT CCCATTATGG GGTACTCTAC TCCGTGGAGA TACTTAGATT TTAATGCTTT	3300
AAATTTGTTT TTCTCACCAT TAGAGTTTCA GCACTTAATT GAAAATTATG GTAGTATAGC	3360
TCCAGATGCT TTAAGTGTA CTATTTTCAGA AATTGCTGTA AAAGATGTCA CAGACAAAAC	3420
AGGAGGAGGT GTGCAAGTTA CTGACAGCAC CACAGGACGT TTGTGTATGT TAGTGATCA	3480
TGAGTATAAA TACCCATATG TGCTAGGTCA GGGACAAGAC ACCTAGCTC CAGAACTGCC	3540
CATTTGGGTT TACTTTCCCC CCCAGTATGC TTACTTAACA GTAGGTGAAG TAAACACACA	3600
AGGAATTTCA GGAGACAGCA AAAAATTGGC TAGTGAAGAA TCAGCTTTT ATGTGTTAGA	3660
GCACAGTTCA TTTGAACTTT TGGGTACAGG GGGATCTGCC ACTATGTCCT ACAAATTTCC	3720
AGCTGTGCCC CCAGAAAACC TAGAAGGCTG CAGCCAACAT TTTTATGAAA TGTACAACCC	3780
TTTGTACGGT TCTCGTTTAG GGGTACCTGA CACATTAGGA GGGGACCCTA AATTTAGATC	3840
ATTGACACAC GAAGACCACG CAATTCAGCC ACAAACCTT ATGCCTGGGC CACTAATAAA	3900
TTCAGTGTCT ACCAAAGAAG GAGACAATTC TAATACAGGT GCTGGAAAAG CCCTTACGGG	3960
GCTTAGTACT GGCCTAGCC AAAACACCAG AATTTCCCTA CGCCCCGGGC CAGTATCTCA	4020
GCCATACCAT CACTGGGACA CTGATAAATA TGTACAGGA ATAAATGCCA TTTCACATGG	4080
ACAAACCACT TATGGAAATG CTGAGGACAA AGAGTATCAG CAAGGGGTAG GAAGATTTC	4140
AAATGAAAAA GAACAGCTTA AGCAGTTACA AGGTCTTAAC ATGCACACAT ACTTCCCTAA	4200
TAAAGGAACC CAACAATACA CAGACCAAAT TGAACGCCCT CTTATGGTGG GCTCTGTTG	4260
GAACAGAAGA GCTCTTCACT ATGAAAGTCA GCTGTGGAGT AAAATCCCTA ACTTAGATGA	4320
CAGTTTAAA ACTCAATTTG CAGCCCTAGG CGGGTGGGGT TTGCATCAAC CACCCCTCA	4380
AATATTTTAA AAAATACTAC CACAAAGTGG GCCAATTGGA GGTATTAAAT CCATGGGAAT	4440
TACTACTTTA GTTCAATATG CTGTGGGAAT AATGACAGTT ACCATGACCT TTAAATTGGG	4500
ACCTCGAAAG GCTACTGGAA GGTGGAATCC CCAGCCTGGC GTTTATCCTC CTCATGCAGC	4560
TGGTCATTTA CCATATGTAC TGTATGACCC CACAGCTACA GATGCAAAGC AACACCACAG	4620
ACACGGATAT GAAAAGCCTG AAGAATTGTG GACTGCCAAA AGCCGTGTGC ACCCATTGTA	4680
AACATTCCCC ACCGTGTCCT CAGCCAGGAA CCGTCACCCA CCGCCACCT GTGCCGCCCA	4740
GATTATATGT GCCCCCTCCA ATACCCCGTA GGCAACCATC TATAAAAGAT ACAGACGCTG	4800
TAGAATATAA ATTATTAAGT AGATATGAAC AACATGTAAT TAGAATGCTA AGATTATGTA	4860
ATATGTACAC AAGTTTGGAA AAATAAAGC CTAAATAAA TAATTCATAG TGTATGGTTC	4920
TTTAAAAATT TCAAAAAGAA GACACCAAAT CAGATCCGC CGGTCGCCGC CGGTAGGCGG	4980
GACTTCCGGT ACAAGATGGC GGACAGTTAC GTCATTTCCT GTGACGTC	5028

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 2:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 2:

ACTTCTGACT GGGAACCACT AAC

23

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 3:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 29 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 3:

TTTAGAGATG GAGAGCAGTT TATAGAAAA

29

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 4:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 35 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 4:

TGGAATAATG AAAACTTTCC ATTAAATGAT GTAGC

35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 5:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 5:

TTGGTGGTCT GGGATGAAGG

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 6:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 6:

ACAGAGGCTG ATGTACAACA

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 7:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 21 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 7:

TGGTGTAATG CACAAAGCTG G

21

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 8:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 31 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 8:

CCACTATGAA AACTGGGCAA TAACTACAC A

31

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 9:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 17 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 9:

TTTGATTTC CTGGAAT

17

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 10:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide

- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 10:

AATGCAGATG CCCTCCACCC AGA

23

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 11:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 64 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 11:

CAGACACCAG TATCAGCAGC AGTGGTGGTG AAAGCTCTGA AGAACTCAGT GAAAGCAGCT
TTTT

60

64

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 12:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 25 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 12:

TGAAACCCCG CGCTCTAGTA CGCCC

25

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 13:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 55 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
- (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 13:

TCCCCGGGAC CAGTTCAGGA GAATCATTTG TCGGAAGCCC AGTTTCCTCC GAAGT

55

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 14:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 14:

CAGTTTCGTG AACTGTTAGT

20

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 15:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 24 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 15:

GCTTGGTATA ATGGATGGAA ATTT

24

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 16:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 26 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 16:

AAAAAATGTG CTTACCTGTC TGGATT

26

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 17:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 17:

CTTAAAAACT CTCCAGAC

18

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 18:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 19 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 18:

TATATAGTCA TCATTTTCA

19

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 19:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 43 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 19:

CATGGACAGT TATCTGACCA CCCCCATGCC TTATCATCCA GTA

43

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 20:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 19 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 20:

TGCAGAACCT AGAGGAGAA

19

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 21:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 47 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 21:

ATGCAGTATT ATCTAGTGAA GACTTACACA AGCCTGGGCA AGTTAGC

47

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 22:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 49 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 22:

TACCCGGTAC TAACTATGTT GGGCCTGGCA ATGAGCTACA AGCTGGGCC

49

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 23:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 39 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 23:

GACAGTGCTG CAAGGATTCA TGACTTTAGG TATAGCCAA

39

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 24:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 22 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 24:

TGGCTAAGTT GGAATAAAT CC

22

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 25:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 25:

TTAAAAAATA TAAAAAATGA AAC

23

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 26:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 53 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 26:

TACTTTACTT TAAAGGTGC AGCTGCCCCT GTGGCCCATTTTCAAGGAAG TTT

53

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 27:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide

- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 27:

TACAACGCCT CAGAAAAATA CCC

23

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 28:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 26 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 28:

TCTGCAGAAG CCAGCACTGG TGCAGG

26

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 29:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 29:

TTAGATTTTA ATGCTTTAAA TTT

23

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 30:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 32 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 30:

TTAGAGTTTC AGCACTTAAT TGAAAATTAT GG

32

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 31:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 31:

ACAGGAATAA ATGCCATTTC

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 32:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 24 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 32:

GACAAAGAGT ATCAGCAAGG GGTA

24

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 33:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 26 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 33:

AGATTTCCAA ATGAAAAAGA ACAGCT

26

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 34:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 34:

TCAGCTGTGG AGTAAAT

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 35:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 35:

TTAGATGACA GTTTTAAAC TCA

23

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 36:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 21 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 36:

CCTCAAATAT TTTTAAAAAT A

21

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 37:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 34 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 37:

TACCACAAAG TGGGCCAATT GGAGGTATTA AATC

34

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 38:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 38:

ATGGGAATTA CTACTTTAGT TCA

23

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 39:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 62 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 39:

GGTCATTAC CATATGTACT GTATGACCCC ACAGCTACAG ATGCAAAGCA ACACCACAGA

60

CA

62

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 40:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 29 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 40:

GGATATGAAA AGCCTGAAGA ATTGTGGAC

29

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 41:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 41:

GCCAAAAGCC GTGTGCACCC ATTGTAAACA

30

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 42:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 21 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 42:

TCCCCACCGT GTCCTCAGCC A

21

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 43:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 109 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 43:

CTTTAAAAAT TTCAAAAAGA AGACACCAAA TCAGATGCCG CCGGTCGCCG CCGGTAGGCG

60

GGACTTCCGG TACAAGATGG CGGACAGTTA CGTCATTTC TGTGACGTC

109

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 44:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 103 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "Amorce"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 44:

GACGTCACAG GAAATGACGT AACTGTCCGC CATCTGTAC CGGAAGTCCC GCCTACCGGC 60
 GGCGACCGGC GGCATCTGAT TTGGTGTCTT CTTTTTGAAA TTT 103

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 45:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 210 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "Sonde"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 45:

CTTTTTGAAA TTTTGGCGGG CTTTTTCCCG CCTTATGCAA ATAAGCGGCC ATGTTTAATG 60
 TTATATTTTA ATTTAATTGG ACAAACGCCT AACGGTTACT AGGGGCGGAG TTACGGGCGG 120
 TATATAAGCA GCTGCGTTCC CTGACACTTT CTTTTCTGGT TGCTTTTGAC TGGAACCTCAC 180
 TTGCTGTTCT TTGCCTGCTA AGTAACAGGT 210

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 46:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 46:

ATTTATACTA ACTTTTAATT TACTAACATG 30

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 47:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 100 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 47:

GAGCTATTTTC GGGGTGTCTT GCACATTTCC TCTAACATTC TGGACTGTGC TAATGATAAC 60
 TGGTGGTGCT CTATGCTAGA CTTAGATACT TCTGACTGGG 100

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 48:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 117 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 48:

AACCACTAAC CCATTCTAAC AGATTAATGG CAATATATTT AAGCAGTGTT GCTTCTAAAC 60
 TTGATTTTAC TGGGGGGCCG CTAGCAGGTT GCTTATACTT TTTTCAGGTG GAATGTA 117

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 49:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 183 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 49:

ACAAATTTGA GGAAGGCTAT CATATCCATG TAGTTATTGG TGGTCCAGGA CTAAATGCTA 60
 GAAACTTAAC TGTGTGCGTA GAAGGTTTAT TTAATAATGT TCTTTACCAT CTTGTAACGT 120
 AAAGTGTTAA ACTTAAATTT TTGCCAGGGA TGACTIONCAA AGGAAAATAT TTTAGAGATG 180
 GAG 183

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 50:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 670 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 50:

AGCAGTTTAT AGAAAATTAC TTAATGAAAA AAATTCCTTT AAATGTTGTG TGGTGTGTAA 60
 CAAATATTGA CGGGTATATA GACACCTGTA TTTCCGCCTC TTTTCGGCGA GGAGCTTGTC 120
 ATGCTAAAAG ACCCCGCATT ACTGCAAATA CAGACAGTGC TACTAATGAA ACTGGGGAGT 180
 CTAGCTGTGG AGGGGGAGAT GTTGTGCCAT TCGCTGGAAA GGGAACAAAA GCGGGGTTAA 240
 AGTTTCAAAC CATGGTAAAT TGGCTATGTG AAAACAGAGT ATTTACTGAA GATAAATGGA 300

AATTAGTGGA TTTTAACCAA TATACTTTAT TAAGTAGCAG TCACAGTGGC AGCTTTCAAA 360
 TTCAAAGTGC CTAAAGTTA GCTATTTATA AAGCTACTAA CTTAGTACCC ACTAGTACAT 420
 TCTTGTTACA TTCAGACTTT GAGCAGGTTA CTTGCATTAA AGAAAATAAA ATAGTAAAAT 480
 TATTATTGTG TCAAACTAT GATCCTCTTT TAGTGGGTCA ACATGTGTTA AGGTGGATTG 540
 ACAAAAAATG TGGTAAAAA AACACCCTGT GGTTTTACGG GCCACCAAGT ACTGGAAAAA 600
 CAAATTTGGC AATGGCTATT GCTAAACTG TACCAGTGTA TGAATGGTG AATTGGAATA 660
 ATGAAAACTT 670

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 51:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 36 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 51:

TCCATTTAAT GATGTAGCGG GGAAAAGTTT GGTGGT 36

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 52:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 46 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 52:

CTGGGATGAA GGCATTATTA AGTCCACTAT TGTGGAAGCT GCAAAA 46

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 53:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 84 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 53:

GCCATTTTAG GTGGTCAGCC AACCAGGGTA GATCAGAAAA TCGTGGCAG TGTGGCAGTG 60
 CCCGGTGTGC CTGTGGTTAT AACC 84

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 54:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 60 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 54:

AGCAATGGTG ACATTACATT TGTGTGAGT GGTAAATACCA CTACAACTGT GCATGCTAAA

60

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 55:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 76 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 55:

GCCTTAAAGG AACGGATGGT AAAGCTAAAC TTTACCATAA GATGTAGCCC TGACATGGGT
TTACTTACAG AGGCTG

60

76

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 56:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 56:

ATGTACAACA ATGGCTAACT TGGTGTAAATG

30

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 57:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 28 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 57:

CACAAAGCTG GAGCCACTAT GAAAACCTG

28

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 58:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 98 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 58:

TTCAGGAGAA TCATTTGTCG GAAGCCCACT TTCCTCCGAA GTGGTAGCCG CGTCGTGGGA 60
 GGAAGCTTTT TACACGCCGC TTGCCGATCA GTTTCGTG 98

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 59:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 134 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 59:

AACTGTTAGT AGGGGTTGAC TTTGTATGGG ATGGTGTGAG GGGATTGCCT GTTGTCTGTG 60
 TGGAACATAT AAACAACAGT GGGGAGGGT TGGGGCTTTG CCCTCATTGT ATTAATGTGG 120
 GAGCTTGTA TAAT 134

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 60:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 100 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 60:

GGATGGAAAT TTAGAGAGTT TACTCCAGAC TTAGTGCCT GCAGTTGTCA TGTAGGAGCC 60
 TCTAACCCAT TTTCTGTGTT AACTTGTA AAATGTGCTT 100

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 61:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 61:

ACCTGTCTGG ATTACAAAGT TTTGTAGATT

30

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 62:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 102 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 62:

ATGAGTAAAA CCACTAACAA ATGGTGGGAA AGCAGTGACA AATTGCCCCA GGACGTGTAT

60

AAGCAGTTTG TGCAATTTTA TGAAAAAGCT ACTGGAACAG AC

102

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 63:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 114 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 63:

TTAGAGCTTA TTCAAATTTT AAAAGACCAT TACAACATTT CTTTAGATAA TCCTTTAGAA

60

AACCCCTCTT CTTTATTTGA CTTAGTTGCT CGCATTAAAA GTAATCTTAA AAAC

114

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 64:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 22 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 64:

TCTCCAGACC TATATAGTCA TC

22

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 65:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 65:

ATTTTCAGAG CCATGGACAG TTA

23

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 66:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 66:

ATCATCCAGT AACAGTAGTG CAGAACCTAG

30

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 67:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 39 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 67:

CAAGCTGGGC CTCGCAGAA TGCTGTGGAC AGTGCTGCA

39

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 68:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 56 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 68:

GGAATAAATC CTTATACACA TTGGACGGTA GCAGATGAAG AATTGTTAAA AAATAT

56

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 69:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 51 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 69:

AAAAAATGAA ACAGGGTTTC AAGCACAAGC AGTAAAAGAT TACTTTACTT T

51

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 70:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 37 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 70:

AAGGAAGTTT ACCGGAAGTG CCCGCGTACA ACGCCTC

37

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 71:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 42 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 71:

AGAAAAATAC CCCAGCATGA CTTAGTTAA CTCTGCAGAA GC

42

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 72:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 255 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 72:

CAGCACTGGT GCAGCGGGG GAGGTAGCAA CCCTACAAAA AGCATGTGGA GTGAAGGGGC
 TACATTTACT GCTAATTCTG TAACGTGTAC ATTCTCTAGG CAATTTTAA TTCCATATGA
 TCCAGAGCAT CATTATAAAG TGTTCTCTCC AGCAGCTAGT AGTGCCACA ATGCTAGTGG
 GAAAGAGGCA AAAGGTGCA CTATTAGTCC CATTATGGGG TACTCTACTC CGTGGAGATA
 CTTAGATTTT AATGC

60

120

180

240

255

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 73:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 33 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 73:

TTTAAATTG TTTTCTCAC CATTAGAGTT TCA

33

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 74:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 725 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 74:

GAAAATTATG GTAGTATAGC TCCAGATGCT TTAAGTGTAA CTATTCAGA AATTGCTGTA	60
AAAGATGTCA CAGACAAAAC AGGAGGAGGT GTGCAAGTTA CTGACAGCAC CACAGGACGT	120
TTGTGTATGT TAGTGGATCA TGAGTATAAA TACCCATATG TGCTAGGTCA GGGACAAGAC	180
ACACTAGCTC CAGAACTGCC CATTGGGTT TACTTTCCCC CCCAGTATGC TTAAGTAAACA	240
GTAGGTGAAG TAAACACACA AGGAATTTCA GGAGACAGCA AAAAATTGGC TAGTGAAGAA	300
TCAGCTTTTT ATGTGTTAGA GCACAGTTCA TTTGAAGTTT TGGGTACAGG GGGATCTGCC	360
ACTATGTCCT ACAAATTTCC AGCTGTGCCC CCAGAAAACC TAGAAGGCTG CAGCCAACAT	420
TTTTATGAAA TGTACAACCC TTTGTACGGT TCTCGTTTAG GGGTACCTGA CACATTAGGA	480
GGGGACCCTA AATTTAGATC ATTGACACAC GAAGACCACG CAATTCAGCC ACAAACCTTT	540
ATGCCTGGGC CACTAATAAA TTCAGTGTCT ACCAAAGAAG GAGACAATTC TAATACAGGT	600
GCTGGAAAAG CCCTTACGGG GCTTAGTACT GGCCTAGCC AAAACACCAG AATTTCCCTA	660
CGCCCCGGGC CAGTATCTCA GCCATACCAT CACTGGGACA CTGATAAATA TGTTACAGGA	720
ATAAA	725

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 75:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 49 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

(A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 75:

TGCCATTTCA CATGGACAAA CCACTTATGG AAATGCTGAG GACAAAGAG

49

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 76:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 76:

TATCAGCAAG GGGTAGGAAG ATTTCCAAAT

30

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 77:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 180 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 77:

GAAAAAGAAC AGCTTAAGCA GTTACAAGGT CTTAACATGC ACACATACTT CCCTAATAAA

60

GGAACCCAAC AATACACAGA CCAAAATGAA CGCCCTCTTA TGGTGGGCTC TGTTTGGAAC

120

AGAAGAGCTC TTCACTATGA AAGTCAGCTG TGGAGTAAAA TCCCTAACTT AGATGACAGT

180

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 78:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 64 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 78:

TTTAAAACTC AATTTGCAGC CCTAGGCGGG TGGGGTTTGC ATCAACCACC CCCTCAAATA

60

TTTT

64

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 79:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 152 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 79:

AGGTATTAAA TCCATGGGAA TTACTACTTT AGTTCAATAT GCTGTGGGAA TAATGACAGT

60

TACCATGACC TTAAATTGG GACCTCGAAA GGCTACTGGA AGGTGGAATC CCCAGCCTGG

120

CGTTTATCCT CCTCATGCAG CTGGTCATTT AC

152

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 80:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 260 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique

- (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 80:

```

CCCATTGTAA ACATTCCCCA CCGTGTCTC AGCCAGGAAC CGTCACCCAC CGCCCACCTG      60
TGCCGCCCCAG ATTATATGTG CCCCCTCCAA TACCCCGTAG GCAACCATCT ATAAAGATA      120
CAGACGCTGT AGAATATAAA TTATTAATA GATATGAACA ACATGTAATT AGAATGCTAA      180
GATTATGTAA TATGTACACA AGTTTGGAAA AATAAAGCC TTAAATAAAT AATTCATAGT      240
GTATGGTTCT TAAAAAATT                                     260

```

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 81:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 2013 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: gène de la protéine NS1

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMBLACEMENT: 1..2013

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 81:

```

ATG GAG CTA TTT CGG GGT GTC TTG CAC ATT TCC TCT AAC ATT CTG GAC      48
Met Glu Leu Phe Arg Gly Val Leu His Ile Ser Ser Asn Ile Leu Asp
  1             5             10             15

TGT GCT AAT GAT AAC TGG TGG TGC TCT ATG CTA GAC TTA GAT ACT TCT      96
Cys Ala Asn Asp Asn Trp Trp Cys Ser Met Leu Asp Leu Asp Thr Ser
          20             25             30

GAC TGG GAA CCA CTA ACC CAT TCT AAC AGA TTA ATG GCA ATA TAT TTA     144
Asp Trp Glu Pro Leu Thr His Ser Asn Arg Leu Met Ala Ile Tyr Leu
          35             40             45

AGC AGT GTT GCT TCT AAA CTT GAT TTT ACT GGG GGG CCG CTA GCA GGT     192
Ser Ser Val Ala Ser Lys Leu Asp Phe Thr Gly Gly Pro Leu Ala Gly
          50             55             60

TGC TTA TAC TTT TTT CAG GTG GAA TGT AAC AAA TTT GAG GAA GGC TAT     240
Cys Leu Tyr Phe Phe Gln Val Glu Cys Asn Lys Phe Glu Glu Gly Tyr
          65             70             75             80

CAT ATC CAT GTA GTT ATT GGT GGT CCA GGA CTA AAT GCT AGA AAC TTA     288
His Ile His Val Val Ile Gly Gly Pro Gly Leu Asn Ala Arg Asn Leu
          85             90             95

ACT GTG TGC GTA GAA GGT TTA TTT AAT AAT GTT CTT TAC CAT CTT GTA     336
Thr Val Cys Val Glu Gly Leu Phe Asn Asn Val Leu Tyr His Leu Val
          100             105             110

```

ACT Thr	GAA Glu	AGT Ser	GTT Val	AAA Lys	CTT Leu	AAA Lys	TTT Phe	TTG Leu	CCA Pro	GGG Gly	ATG Met	ACT Thr	ACC Thr	AAA Lys	GGA Gly	384
	115						120				125					
AAA Lys	TAT Tyr	TTT Phe	AGA Arg	GAT Asp	GGA Gly	GAG Glu	CAG Gln	TTT Phe	ATA Ile	GAA Glu	AAT Asn	TAC Tyr	TTA Leu	ATG Met	AAA Lys	432
	130					135					140					
AAA Lys	ATT Ile	CCT Pro	TTA Leu	AAT Asn	GTT Val	GTG Val	TGG Trp	TGT Cys	GTA Val	ACA Thr	AAT Asn	ATT Ile	GAC Asp	GGG Gly	TAT Tyr	480
	145				150					155					160	
ATA Ile	GAC Asp	ACC Thr	TGT Cys	ATT Ile	TCC Ser	GCC Ala	TCT Ser	TTT Phe	CGG Arg	CGA Arg	GGA Gly	GCT Ala	TGT Cys	CAT His	GCT Ala	528
				165					170					175		
AAA Lys	AGA Arg	CCC Pro	CGC Arg	ATT Ile	ACT Thr	GCA Ala	AAT Asn	ACA Thr	GAC Asp	AGT Ser	GCT Ala	ACT Thr	AAT Asn	GAA Glu	ACT Thr	576
			180					185					190			
GGG Gly	GAG Glu	TCT Ser	AGC Ser	TGT Cys	GGA Gly	GGG Gly	GGA Gly	GAT Asp	GTT Val	GTG Val	CCA Pro	TTC Phe	GCT Ala	GGA Gly	AAG Lys	624
		195					200					205				
GGA Gly	ACA Thr	AAA Lys	GCG Ala	GGG Gly	TTA Leu	AAG Lys	TTT Phe	CAA Gln	ACC Thr	ATG Met	GTA Val	AAT Asn	TGG Trp	CTA Leu	TGT Cys	672
	210					215					220					
GAA Glu	AAC Asn	AGA Arg	GTA Val	TTT Phe	ACT Thr	GAA Glu	GAT Asp	AAA Lys	TGG Trp	AAA Lys	TTA Leu	GTG Val	GAT Asp	TTT Phe	AAC Asn	720
	225				230				235						240	
CAA Gln	TAT Tyr	ACT Thr	TTA Leu	TTA Leu	AGT Ser	AGC Ser	AGT Ser	CAC His	AGT Ser	GGC Gly	AGC Ser	TTT Phe	CAA Gln	ATT Ile	CAA Gln	768
				245				250						255		
AGT Ser	GCC Ala	TTA Leu	AAG Lys	TTA Leu	GCT Ala	ATT Ile	TAT Tyr	AAA Lys	GCT Ala	ACT Thr	AAC Asn	TTA Leu	GTA Val	CCC Pro	ACT Thr	816
			260					265					270			
AGT Ser	ACA Thr	TTC Phe	TTG Leu	TTA Leu	CAT His	TCA Ser	GAC Asp	TTT Phe	GAG Glu	CAG Gln	GTT Val	ACT Thr	TGC Cys	ATT Ile	AAA Lys	864
		275					280					285				
GAA Glu	AAT Asn	AAA Lys	ATA Ile	GTA Val	AAA Lys	TTA Leu	TTA Leu	TTG Leu	TGT Cys	CAA Gln	AAC Asn	TAT Tyr	GAT Asp	CCT Pro	CTT Leu	912
	290					295					300					
TTA Leu	GTG Val	GGT Gly	CAA Gln	CAT His	GTG Val	TTA Leu	AGG Arg	TGG Trp	ATT Ile	GAC Asp	AAA Lys	AAA Lys	TGT Cys	GGT Gly	AAA Lys	960
	305				310					315					320	
AAA Lys	AAC Asn	ACC Thr	CTG Leu	TGG Trp	TTT Phe	TAC Tyr	GGG Gly	CCA Pro	CCA Pro	AGT Ser	ACT Thr	GGA Gly	AAA Lys	ACA Thr	AAT Asn	1008
				325				330						335		
TTG Leu	GCA Ala	ATG Met	GCT Ala	ATT Ile	GCT Ala	AAA Lys	ACT Thr	GTA Val	CCA Pro	GTG Val	TAT Tyr	GGA Gly	ATG Met	GTG Val	AAT Asn	1056
			340					345					350			
TGG Trp	AAT Asn	AAT Asn	GAA Glu	AAC Asn	TTT Phe	CCA Pro	TTT Phe	AAT Asn	GAT Asp	GTA Val	GCG Ala	GGG Gly	AAA Lys	AGT Ser	TTG Leu	1104
	355						360					365				
GTG Val	GTC Val	TGG Trp	GAT Asp	GAA Glu	GCG Gly	ATT Ile	ATT Ile	AAG Lys	TCC Ser	ACT Thr	ATT Ile	GTG Val	GAA Glu	GCT Ala	GCA Ala	1152
	370					375					380					

AAA GCC ATT TTA GGT GGT CAG CCA ACC AGG GTA GAT CAG AAA ATG CGT Lys Ala Ile Leu Gly Gly Gln Pro Thr Arg Val Asp Gln Lys Met Arg 385 390 395 400	1200
GGC AGT GTG GCA GTG CCC GGT GTG CCT GTG GTT ATA ACC AGC AAT GGT Gly Ser Val Ala Val Pro Gly Val Pro Val Val Ile Thr Ser Asn Gly 405 410 415	1248
GAC ATT ACA TTT GTT GTG AGT GGT AAT ACC ACT ACA ACT GTG CAT GCT Asp Ile Thr Phe Val Val Ser Gly Asn Thr Thr Thr Val His Ala 420 425 430	1296
AAA GCC TTA AAG GAA CGG ATG GTA AAG CTA AAC TTT ACC ATA AGA TGT Lys Ala Leu Lys Glu Arg Met Val Lys Leu Asn Phe Thr Ile Arg Cys 435 440 445	1344
AGC CCT GAC ATG GGT TTA CTT ACA GAG GCT GAT GTA CAA CAA TGG CTA Ser Pro Asp Met Gly Leu Leu Thr Glu Ala Asp Val Gln Gln Trp Leu 450 455 460	1392
ACT TGG TGT AAT GCA CAA AGC TGG AGC CAC TAT GAA AAC TGG GCA ATA Thr Trp Cys Asn Ala Gln Ser Trp Ser His Tyr Glu Asn Trp Ala Ile 465 470 475 480	1440
AAC TAC ACA TTT GAT TTC CCT GGA ATA AAT GCA GAT GCC CTC CAC CCA Asn Tyr Thr Phe Asp Phe Pro Gly Ile Asn Ala Asp Ala Leu His Pro 485 490 495	1488
GAT CTC CAA ACC ACC CCC ATT GTC CCA GAC ACC AGT ATC AGC AGC AGT Asp Leu Gln Thr Thr Pro Ile Val Pro Asp Thr Ser Ile Ser Ser Ser 500 505 510	1536
GGT GGT GAA AGC TCT GAA GAA CTC AGT GAA AGC AGC TTT TTC AAC CTC Gly Gly Glu Ser Ser Glu Glu Leu Ser Glu Ser Ser Phe Phe Asn Leu 515 520 525	1584
ATC ACT CCA GGC GCC TGG AAC AGT GAA ACC CCG CGC TCT AGT ACG CCC Ile Thr Pro Gly Ala Trp Asn Ser Glu Thr Pro Arg Ser Ser Thr Pro 530 535 540	1632
GTC CCC GGG ACC AGT TCA GGA GAA TCA TTT GTC GGA AGC CCA GTT TCC Val Pro Gly Thr Ser Ser Gly Glu Ser Phe Val Gly Ser Pro Val Ser 545 550 555 560	1680
TCC GAA GTG GTA GCC GCG TCG TGG GAG GAA GCT TTT TAC ACG CCG CTT Ser Glu Val Val Ala Ala Ser Trp Glu Glu Ala Phe Tyr Thr Pro Leu 565 570 575	1728
GCC GAT CAG TTT CGT GAA CTG TTA GTA GGG GTT GAC TTT GTA TGG GAT Ala Asp Gln Phe Arg Glu Leu Leu Val Gly Val Asp Phe Val Trp Asp 580 585 590	1776
GGT GTG AGG GGA TTG CCT GTT TGC TGT GTG GAA CAT ATA AAC AAC AGT Gly Val Arg Gly Leu Pro Val Cys Cys Val Glu His Ile Asn Asn Ser 595 600 605	1824
GGG GGA GGG TTG GGG CTT TGC CCT CAT TGT ATT AAT GTG GGA GCT TGG Gly Gly Gly Leu Gly Leu Cys Pro His Cys Ile Asn Val Gly Ala Trp 610 615 620	1872
TAT AAT GGA TGG AAA TTT AGA GAG TTT ACT CCA GAC TTA GTG CGC TGC Tyr Asn Gly Trp Lys Phe Arg Glu Phe Thr Pro Asp Leu Val Arg Cys 625 630 635 640	1920
AGT TGT CAT GTA GGA GCC TCT AAC CCA TTT TCT GTG TTA ACT TGT AAA Ser Cys His Val Gly Ala Ser Asn Pro Phe Ser Val Leu Thr Cys Lys 645 650 655	1968

AAA TGT GCT TAC CTG TCT GGA TTA CAA AGT TTT GTA GAT TAT GAG
 Lys Cys Ala Tyr Leu Ser Gly Leu Gln Ser Phe Val Asp Tyr Glu
 660 665 670

2013

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 82:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 671 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine NS1

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 82:

Met Glu Leu Phe Arg Gly Val Leu His Ile Ser Ser Asn Ile Leu Asp
 1 5 10 15
 Cys Ala Asn Asp Asn Trp Trp Cys Ser Met Leu Asp Leu Asp Thr Ser
 20 25 30
 Asp Trp Glu Pro Leu Thr His Ser Asn Arg Leu Met Ala Ile Tyr Leu
 35 40 45
 Ser Ser Val Ala Ser Lys Leu Asp Phe Thr Gly Gly Pro Leu Ala Gly
 50 55 60
 Cys Leu Tyr Phe Phe Gln Val Glu Cys Asn Lys Phe Glu Glu Gly Tyr
 65 70 75 80
 His Ile His Val Val Ile Gly Gly Pro Gly Leu Asn Ala Arg Asn Leu
 85 90 95
 Thr Val Cys Val Glu Gly Leu Phe Asn Asn Val Leu Tyr His Leu Val
 100 105 110
 Thr Glu Ser Val Lys Leu Lys Phe Leu Pro Gly Met Thr Thr Lys Gly
 115 120 125
 Lys Tyr Phe Arg Asp Gly Glu Gln Phe Ile Glu Asn Tyr Leu Met Lys
 130 135 140
 Lys Ile Pro Leu Asn Val Val Trp Cys Val Thr Asn Ile Asp Gly Tyr
 145 150 155 160
 Ile Asp Thr Cys Ile Ser Ala Ser Phe Arg Arg Gly Ala Cys His Ala
 165 170 175
 Lys Arg Pro Arg Ile Thr Ala Asn Thr Asp Ser Ala Thr Asn Glu Thr
 180 185 190
 Gly Glu Ser Ser Cys Gly Gly Gly Asp Val Val Pro Phe Ala Gly Lys
 195 200 205
 Gly Thr Lys Ala Gly Leu Lys Phe Gln Thr Met Val Asn Trp Leu Cys
 210 215 220
 Glu Asn Arg Val Phe Thr Glu Asp Lys Trp Lys Leu Val Asp Phe Asn
 225 230 235 240
 Gln Tyr Thr Leu Leu Ser Ser Ser His Ser Gly Ser Phe Gln Ile Gln
 245 250 255
 Ser Ala Leu Lys Leu Ala Ile Tyr Lys Ala Thr Asn Leu Val Pro Thr
 260 265 270
 Ser Thr Phe Leu Leu His Ser Asp Phe Glu Gln Val Thr Cys Ile Lys
 275 280 285

Glu Asn Lys Ile Val Lys Leu Leu Leu Cys Gln Asn Tyr Asp Pro Leu
 290 295 300
 Leu Val Gly Gln His Val Leu Arg Trp Ile Asp Lys Lys Cys Gly Lys
 305 310 315 320
 Lys Asn Thr Leu Trp Phe Tyr Gly Pro Pro Ser Thr Gly Lys Thr Asn
 325 330 335
 Leu Ala Met Ala Ile Ala Lys Thr Val Pro Val Tyr Gly Met Val Asn
 340 345 350
 Trp Asn Asn Glu Asn Phe Pro Phe Asn Asp Val Ala Gly Lys Ser Leu
 355 360 365
 Val Val Trp Asp Glu Gly Ile Ile Lys Ser Thr Ile Val Glu Ala Ala
 370 375 380
 Lys Ala Ile Leu Gly Gly Gln Pro Thr Arg Val Asp Gln Lys Met Arg
 385 390 395 400
 Gly Ser Val Ala Val Pro Gly Val Pro Val Val Ile Thr Ser Asn Gly
 405 410 415
 Asp Ile Thr Phe Val Val Ser Gly Asn Thr Thr Thr Thr Val His Ala
 420 425 430
 Lys Ala Leu Lys Glu Arg Met Val Lys Leu Asn Phe Thr Ile Arg Cys
 435 440 445
 Ser Pro Asp Met Gly Leu Leu Thr Glu Ala Asp Val Gln Gln Trp Leu
 450 455 460
 Thr Trp Cys Asn Ala Gln Ser Trp Ser His Tyr Glu Asn Trp Ala Ile
 465 470 475 480
 Asn Tyr Thr Phe Asp Phe Pro Gly Ile Asn Ala Asp Ala Leu His Pro
 485 490 495
 Asp Leu Gln Thr Thr Pro Ile Val Pro Asp Thr Ser Ile Ser Ser Ser
 500 505 510
 Gly Gly Glu Ser Ser Glu Glu Leu Ser Glu Ser Ser Phe Phe Asn Leu
 515 520 525
 Ile Thr Pro Gly Ala Trp Asn Ser Glu Thr Pro Arg Ser Ser Thr Pro
 530 535 540
 Val Pro Gly Thr Ser Ser Gly Glu Ser Phe Val Gly Ser Pro Val Ser
 545 550 555 560
 Ser Glu Val Val Ala Ala Ser Trp Glu Glu Ala Phe Tyr Thr Pro Leu
 565 570 575
 Ala Asp Gln Phe Arg Glu Leu Leu Val Gly Val Asp Phe Val Trp Asp
 580 585 590
 Gly Val Arg Gly Leu Pro Val Cys Cys Val Glu His Ile Asn Asn Ser
 595 600 605
 Gly Gly Gly Leu Gly Leu Cys Pro His Cys Ile Asn Val Gly Ala Trp
 610 615 620
 Tyr Asn Gly Trp Lys Phe Arg Glu Phe Thr Pro Asp Leu Val Arg Cys
 625 630 635 640
 Ser Cys His Val Gly Ala Ser Asn Pro Phe Ser Val Leu Thr Cys Lys
 645 650 655

Lys Cys Ala Tyr Leu Ser Gly Leu Gln Ser Phe Val Asp Tyr Glu
 660 665 670

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 83:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 222 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: gène de la protéine 7,5 kDa

- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: CDS
 (B) EMBLEMENT: 1..222

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 83:

ATG CAG ATG CCC TCC ACC CAG ATC TCC AAA CCA CCC CCA TTG TCC CAG	48
Met Gln Met Pro Ser Thr Gln Ile Ser Lys Pro Pro Pro Leu Ser Gln	
ACA CCA GTA TCA GCA GCA GTG GTG GTG AAA GCT CTG AAG AAC TCA GTG	96
Thr Pro Val Ser Ala Ala Val Val Val Lys Ala Leu Lys Asn Ser Val	
AAA GCA GCT TTT TCA ACC TCA TCA CTC CAG GCG CCT GGA ACA GTG AAA	144
Lys Ala Ala Phe Ser Thr Ser Ser Leu Gln Ala Pro Gly Thr Val Lys	
CCC CGC GCT CTA GTA CGC CCG TCC CCG GGA CCA GTT CAG GAG AAT CAT	192
Pro Arg Ala Leu Val Arg Pro Ser Pro Gly Pro Val Gln Glu Asn His	
TTG TCG GAA GCC CAG TTT CCT CCG AAG TGG	222
Leu Ser Glu Ala Gln Phe Pro Pro Lys Trp	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 84:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 74 acides aminés
 (B) TYPE: acide aminé
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine 7,5 kDa

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 84:

Met Gln Met Pro Ser Thr Gln Ile Ser Lys Pro Pro Pro Leu Ser Gln	
1 5 10 15	
Thr Pro Val Ser Ala Ala Val Val Val Lys Ala Leu Lys Asn Ser Val	
20 25 30	
Lys Ala Ala Phe Ser Thr Ser Ser Leu Gln Ala Pro Gly Thr Val Lys	
35 40 45	
Pro Arg Ala Leu Val Arg Pro Ser Pro Gly Pro Val Gln Glu Asn His	
50 55 60	
Leu Ser Glu Ala Gln Phe Pro Pro Lys Trp	
65 70	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 85:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 2343 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: gène de la protéine VP1

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: CDS

(B) EMPLACEMENT: 1..2343

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 85:

ATG AGT AAA ACC ACT AAC AAA TGG TGG GAA AGC AGT GAC AAA TTT GCC Met Ser Lys Thr Thr Asn Lys Trp Trp Glu Ser Ser Asp Lys Phe Ala	48
CAG GAC GTG TAT AAG CAG TTT GTG CAA TTT TAT GAA AAA GCT ACT GGA Gln Asp Val Tyr Lys Gln Phe Val Gln Phe Tyr Glu Lys Ala Thr Gly	96
ACA GAC TTA GAG CTT ATT CAA ATT TTA AAA GAC CAT TAC AAC ATT TCT Thr Asp Leu Glu Leu Ile Gln Ile Leu Lys Asp His Tyr Asn Ile Ser	144
TTA GAT AAT CCT TTA GAA AAC CCC TCT TCT TTA TTT GAC TTA GTT GCT Leu Asp Asn Pro Leu Glu Asn Pro Ser Ser Leu Phe Asp Leu Val Ala	192
CGC ATT AAA AGT AAT CTT AAA AAC TCT CCA GAC CTA TAT AGT CAT CAT Arg Ile Lys Ser Asn Leu Lys Asn Ser Pro Asp Leu Tyr Ser His His	240
TTT CAG AGC CAT GGA CAG TTA TCT GAC CAC CCC CAT GCC TTA TCA TCC Phe Gln Ser His Gly Gln Leu Ser Asp His Pro His Ala Leu Ser Ser	288
AGT AAC AGT AGT GCA GAA CCT AGA GGA GAA AAT GCA GTA TTA TCT AGT Ser Asn Ser Ser Ala Glu Pro Arg Gly Glu Asn Ala Val Leu Ser Ser	336
GAA GAC TTA CAC AAG CCT GGG CAA GTT AGC ATA CAA TTA CCC GGT ACT Glu Asp Leu His Lys Pro Gly Gln Val Ser Ile Gln Leu Pro Gly Thr	384
AAC TAT GTT GGG CCT GGC AAT GAG CTA CAA GCT GGG CCT CCG CAG AAT Asn Tyr Val Gly Pro Gly Asn Glu Leu Gln Ala Gly Pro Pro Gln Asn	432
GCT GTG GAC AGT GCT GCA AGG ATT CAT GAC TTT AGG TAT AGC CAA TTG Ala Val Asp Ser Ala Ala Arg Ile His Asp Phe Arg Tyr Ser Gln Leu	480
GCT AAG TTG GGA ATA AAT CCT TAT ACA CAT TGG ACG GTA GCA GAT GAA Ala Lys Leu Gly Ile Asn Pro Tyr Thr His Trp Thr Val Ala Asp Glu	528
GAA TTG TTA AAA AAT ATA AAA AAT GAA ACA GGG TTT CAA GCA CAA GCA Glu Leu Leu Lys Asn Ile Lys Asn Glu Thr Gly Phe Gln Ala Gln Ala	576
GTA AAA GAT TAC TTT ACT TTA AAA GGT GCA GCT GCC CCT GTG GCC CAT Val Lys Asp Tyr Phe Thr Leu Lys Gly Ala Ala Ala Pro Val Ala His	624
TTT CAA GGA AGT TTA CCG GAA GTG CCC GCG TAC AAC GCC TCA GAA AAA Phe Gln Gly Ser Leu Pro Glu Val Pro Ala Tyr Asn Ala Ser Glu Lys	672
TAC CCC AGC ATG ACT TCA GTT AAC TCT GCA GAA GCC AGC ACT GGT GCA Tyr Pro Ser Met Thr Ser Val Asn Ser Ala Glu Ala Ser Thr Gly Ala	720
GGC GGG GGA GGT AGC AAC CCT ACA AAA AGC ATG TGG AGT GAA GGG GCT Gly Gly Gly Gly Ser Asn Pro Thr Lys Ser Met Trp Ser Glu Gly Ala	768
ACA TTT ACT GCT AAT TCT GTA ACG TGT ACA TTC TCT AGG CAA TTT TTA Thr Phe Thr Ala Asn Ser Val Thr Cys Thr Phe Ser Arg Gln Phe Leu	816
ATT CCA TAT GAT CCA GAG CAT CAT TAT AAA GTG TTC TCT CCA GCA GCT Ile Pro Tyr Asp Pro Glu His His Tyr Lys Val Phe Ser Pro Ala Ala	864
AGT AGC TGC CAC AAT GCT AGT GGG AAA GAG GCA AAA GTG TGC ACT ATT Ser Ser Cys His Asn Ala Ser Gly Lys Glu Ala Lys Val Cys Thr Ile	912

AGT CCC ATT ATG GGG TAC TCT ACT CCG TGG AGA TAC TTA GAT TTT AAT Ser Pro Ile Met Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Arg Tyr Leu Asp Phe Asn	960
GCT TTA AAT TTG TTT TTC TCA CCA TTA GAG TTT CAG CAC TTA ATT GAA Ala Leu Asn Leu Phe Phe Ser Pro Leu Glu Phe Gln His Leu Ile Glu	1008
AAT TAT GGT AGT ATA GCT CCA GAT GCT TTA ACT GTA ACT ATT TCA GAA Asn Tyr Gly Ser Ile Ala Pro Asp Ala Leu Thr Val Thr Ile Ser Glu	1056
ATT GCT GTA AAA GAT GTC ACA GAC AAA ACA GGA GGA GGT GTG CAA GTT Ile Ala Val Lys Asp Val Thr Asp Lys Thr Gly Gly Gly Val Gln Val	1104
ACT GAC AGC ACC ACA GGA CGT TTG TGT ATG TTA GTG GAT CAT GAG TAT Thr Asp Ser Thr Thr Gly Arg Leu Cys Met Leu Val Asp His Glu Tyr	1152
AAA TAC CCA TAT GTG CTA GGT CAG GGA CAA GAC ACA CTA GCT CCA GAA Lys Tyr Pro Tyr Val Leu Gly Gln Gly Gln Asp Thr Leu Ala Pro Glu	1200
CTG CCC ATT TGG GTT TAC TTT CCC CCC CAG TAT GCT TAC TTA ACA GTA Leu Pro Ile Trp Val Tyr Phe Pro Pro Gln Tyr Ala Tyr Leu Thr Val	1248
GGT GAA GTA AAC ACA CAA GGA ATT TCA GGA GAC AGC AAA AAA TTG GCT Gly Glu Val Asn Thr Gln Gly Ile Ser Gly Asp Ser Lys Lys Leu Ala	1296
AGT GAA GAA TCA GCT TTT TAT GTG TTA GAG CAC AGT TCA TTT GAA CTT Ser Glu Glu Ser Ala Phe Tyr Val Leu Glu His Ser Ser Phe Glu Leu	1344
TTG GGT ACA GGG GGA TCT GCC ACT ATG TCC TAC AAA TTT CCA GCT GTG Leu Gly Thr Gly Gly Ser Ala Thr Met Ser Tyr Lys Phe Pro Ala Val	1392
CCC CCA GAA AAC CTA GAA GGC TGC AGC CAA CAT TTT TAT GAA ATG TAC Pro Pro Glu Asn Leu Glu Gly Cys Ser Gln His Phe Tyr Glu Met Tyr	1440
AAC CCT TTG TAC GGT TCT CGT TTA GGG GTA CCT GAC ACA TTA GGA GGG Asn Pro Leu Tyr Gly Ser Arg Leu Gly Val Pro Asp Thr Leu Gly Gly	1488
GAC CCT AAA TTT AGA TCA TTG ACA CAC GAA GAC CAC GCA ATT CAG CCA Asp Pro Lys Phe Arg Ser Leu Thr His Glu Asp His Ala Ile Gln Pro	1536
CAA AAC TTT ATG CCT GGG CCA CTA ATA AAT TCA GTG TCT ACC AAA GAA Gln Asn Phe Met Pro Gly Pro Leu Ile Asn Ser Val Ser Thr Lys Glu	1584
GGA GAC AAT TCT AAT ACA GGT GCT GGA AAA GCC CTT ACG GGG CTT AGT Gly Asp Asn Ser Asn Thr Gly Ala Gly Lys Ala Leu Thr Gly Leu Ser	1632
ACT GGC ACT AGC CAA AAC ACC AGA ATT TCC CTA CGC CCC GGG CCA GTA Thr Gly Thr Ser Gln Asn Thr Arg Ile Ser Leu Arg Pro Gly Pro Val	1680
TCT CAG CCA TAC CAT CAC TGG GAC ACT GAT AAA TAT GTT ACA GGA ATA Ser Gln Pro Tyr His His Trp Asp Thr Asp Lys Tyr Val Thr Gly Ile	1728
AAT GCC ATT TCA CAT GGA CAA ACC ACT TAT GGA AAT GCT GAG GAC AAA Asn Ala Ile Ser His Gly Gln Thr Thr Tyr Gly Asn Ala Glu Asp Lys	1776
GAG TAT CAG CAA GGG GTA GGA AGA TTT CCA AAT GAA AAA GAA CAG CTT Glu Tyr Gln Gln Gly Val Gly Arg Phe Pro Asn Glu Lys Glu Gln Leu	1824
AAG CAG TTA CAA GGT CTT AAC ATG CAC ACA TAC TTC CCT AAT AAA GGA Lys Gln Leu Gln Gly Leu Asn Met His Thr Tyr Phe Pro Asn Lys Gly	1872
ACC CAA CAA TAC ACA GAC CAA ATT GAA CGC CCT CTT ATG GTG GGC TCT Thr Gln Gln Tyr Thr Asp Gln Ile Glu Arg Pro Leu Met Val Gly Ser	1920
GTT TGG AAC AGA AGA GCT CTT CAC TAT GAA AGT CAG CTG TGG AGT AAA Val Trp Asn Arg Arg Ala Leu His Tyr Glu Ser Gln Leu Trp Ser Lys	1968
ATC CCT AAC TTA GAT GAC AGT TTT AAA ACT CAA TTT GCA GCC CTA GGC Ile Pro Asn Leu Asp Asp Ser Phe Lys Thr Gln Phe Ala Ala Leu Gly	2016

GGG TGG GGT TTG CAT CAA CCA CCC CCT CAA ATA TTT TTA AAA ATA CTA 2064
 Gly Trp Gly Leu His Gln Pro Pro Pro Gln Ile Phe Leu Lys Ile Leu

CCA CAA AGT GGG CCA ATT GGA GGT ATT AAA TCC ATG GGA ATT ACT ACT 2112
 Pro Gln Ser Gly Pro Ile Gly Gly Ile Lys Ser Met Gly Ile Thr Thr

TTA GTT CAA TAT GCT GTG GGA ATA ATG ACA GTT ACC ATG ACC TTT AAA 2160
 Leu Val Gln Tyr Ala Val Gly Ile Met Thr Val Thr Met Thr Phe Lys

TTG GGA CCT CGA AAG GCT ACT GGA AGG TGG AAT CCC CAG CCT GGC GTT 2208
 Leu Gly Pro Arg Lys Ala Thr Gly Arg Trp Asn Pro Gln Pro Gly Val

TAT CCT CCT CAT GCA GCT GGT CAT TTA CCA TAT GTA CTG TAT GAC CCC 2256
 Tyr Pro Pro His Ala Ala Gly His Leu Pro Tyr Val Leu Tyr Asp Pro

ACA GCT ACA GAT GCA AAG CAA CAC CAC AGA CAC GGA TAT GAA AAG CCT 2304
 Thr Ala Thr Asp Ala Lys Gln His His Arg His Gly Tyr Glu Lys Pro

GAA GAA TTG TGG ACT GCC AAA AGC CGT GTG CAC CCA TTG 2343
 Glu Glu Leu Trp Thr Ala Lys Ser Arg Val His Pro Leu

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 86:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 781 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine VP1

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 86:

Met Ser Lys Thr Thr Asn Lys Trp Trp Glu Ser Ser Asp Lys Phe Ala
 1 5 10 15

Gln Asp Val Tyr Lys Gln Phe Val Gln Phe Tyr Glu Lys Ala Thr Gly
 20 25 30

Thr Asp Leu Glu Leu Ile Gln Ile Leu Lys Asp His Tyr Asn Ile Ser
 35 40 45

Leu Asp Asn Pro Leu Glu Asn Pro Ser Ser Leu Phe Asp Leu Val Ala
 50 55 60

Arg Ile Lys Ser Asn Leu Lys Asn Ser Pro Asp Leu Tyr Ser His His
 65 70 75 80

Phe Gln Ser His Gly Gln Leu Ser Asp His Pro His Ala Leu Ser Ser
 85 90 95

Ser Asn Ser Ser Ala Glu Pro Arg Gly Glu Asn Ala Val Leu Ser Ser
 100 105 110

Glu Asp Leu His Lys Pro Gly Gln Val Ser Ile Gln Leu Pro Gly Thr
 115 120 125

Asn Tyr Val Gly Pro Gly Asn Glu Leu Gln Ala Gly Pro Pro Gln Asn
 130 135 140

Ala Val Asp Ser Ala Ala Arg Ile His Asp Phe Arg Tyr Ser Gln Leu
 145 150 155 160

Ala Lys Leu Gly Ile Asn Pro Tyr Thr His Trp Thr Val Ala Asp Glu
 165 170 175

Glu Leu Leu Lys Asn Ile Lys Asn Glu Thr Gly Phe Gln Ala Gln Ala
 180 185 190

Val Lys Asp Tyr Phe Thr Leu Lys Gly Ala Ala Ala Pro Val Ala His
 195 200 205

Phe Gln Gly Ser Leu Pro Glu Val Pro Ala Tyr Asn Ala Ser Glu Lys
 210 215 220
 Tyr Pro Ser Met Thr Ser Val Asn Ser Ala Glu Ala Ser Thr Gly Ala
 225 230 235 240
 Gly Gly Gly Gly Ser Asn Pro Thr Lys Ser Met Trp Ser Glu Gly Ala
 245 250 255
 Thr Phe Thr Ala Asn Ser Val Thr Cys Thr Phe Ser Arg Gln Phe Leu
 260 265 270
 Ile Pro Tyr Asp Pro Glu His His Tyr Lys Val Phe Ser Pro Ala Ala
 275 280 285
 Ser Ser Cys His Asn Ala Ser Gly Lys Glu Ala Lys Val Cys Thr Ile
 290 295 300
 Ser Pro Ile Met Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Arg Tyr Leu Asp Phe Asn
 305 310 315 320
 Ala Leu Asn Leu Phe Phe Ser Pro Leu Glu Phe Gln His Leu Ile Glu
 325 330 335
 Asn Tyr Gly Ser Ile Ala Pro Asp Ala Leu Thr Val Thr Ile Ser Glu
 340 345 350
 Ile Ala Val Lys Asp Val Thr Asp Lys Thr Gly Gly Gly Val Gln Val
 355 360 365
 Thr Asp Ser Thr Thr Gly Arg Leu Cys Met Leu Val Asp His Glu Tyr
 370 375 380
 Lys Tyr Pro Tyr Val Leu Gly Gln Gly Gln Asp Thr Leu Ala Pro Glu
 385 390 395 400
 Leu Pro Ile Trp Val Tyr Phe Pro Pro Gln Tyr Ala Tyr Leu Thr Val
 405 410 415
 Gly Glu Val Asn Thr Gln Gly Ile Ser Gly Asp Ser Lys Lys Leu Ala
 420 425 430
 Ser Glu Glu Ser Ala Phe Tyr Val Leu Glu His Ser Ser Phe Glu Leu
 435 440 445
 Leu Gly Thr Gly Gly Ser Ala Thr Met Ser Tyr Lys Phe Pro Ala Val
 450 455 460
 Pro Pro Glu Asn Leu Glu Gly Cys Ser Gln His Phe Tyr Glu Met Tyr
 465 470 475 480
 Asn Pro Leu Tyr Gly Ser Arg Leu Gly Val Pro Asp Thr Leu Gly Gly
 485 490 495
 Asp Pro Lys Phe Arg Ser Leu Thr His Glu Asp His Ala Ile Gln Pro
 500 505 510
 Gln Asn Phe Met Pro Gly Pro Leu Ile Asn Ser Val Ser Thr Lys Glu
 515 520 525
 Gly Asp Asn Ser Asn Thr Gly Ala Gly Lys Ala Leu Thr Gly Leu Ser
 530 535 540
 Thr Gly Thr Ser Gln Asn Thr Arg Ile Ser Leu Arg Pro Gly Pro Val
 545 550 555 560
 Ser Gln Pro Tyr His His Trp Asp Thr Asp Lys Tyr Val Thr Gly Ile
 565 570 575

Asn Ala Ile Ser His Gly Gln Thr Thr Tyr Gly Asn Ala Glu Asp Lys
 580 585 590
 Glu Tyr Gln Gln Gly Val Gly Arg Phe Pro Asn Glu Lys Glu Gln Leu
 595 600 605
 Lys Gln Leu Gln Gly Leu Asn Met His Thr Tyr Phe Pro Asn Lys Gly
 610 615 620
 Thr Gln Gln Tyr Thr Asp Gln Ile Glu Arg Pro Leu Met Val Gly Ser
 625 630 635 640
 Val Trp Asn Arg Arg Ala Leu His Tyr Glu Ser Gln Leu Trp Ser Lys
 645 650 655
 Ile Pro Asn Leu Asp Asp Ser Phe Lys Thr Gln Phe Ala Ala Leu Gly
 660 665 670
 Gly Trp Gly Leu His Gln Pro Pro Pro Gln Ile Phe Leu Lys Ile Leu
 675 680 685
 Pro Gln Ser Gly Pro Ile Gly Gly Ile Lys Ser Met Gly Ile Thr Thr
 690 695 700
 Leu Val Gln Tyr Ala Val Gly Ile Met Thr Val Thr Met Thr Phe Lys
 705 710 715 720
 Leu Gly Pro Arg Lys Ala Thr Gly Arg Trp Asn Pro Gln Pro Gly Val
 725 730 735
 Tyr Pro Pro His Ala Ala Gly His Leu Pro Tyr Val Leu Tyr Asp Pro
 740 745 750
 Thr Ala Thr Asp Ala Lys Gln His His Arg His Gly Tyr Glu Lys Pro
 755 760 765
 Glu Glu Leu Trp Thr Ala Lys Ser Arg Val His Pro Leu
 770 775 780

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 87:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 681 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: gène de la protéine VP1 unique

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMBLACEMENT: 1..681

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 87:

ATG AGT AAA ACC ACT AAC AAA TGG TGG GAA AGC AGT GAC AAA TTT GCC	48
Met Ser Lys Thr Thr Asn Lys Trp Trp Glu Ser Ser Asp Lys Phe Ala	
CAG GAC GTG TAT AAG CAG TTT GTG CAA TTT TAT GAA AAA GCT ACT GGA	96
Gln Asp Val Tyr Lys Gln Phe Val Gln Phe Tyr Glu Lys Ala Thr Gly	
ACA GAC TTA GAG CTT ATT CAA ATT TTA AAA GAC CAT TAC AAC ATT TCT	144
Thr Asp Leu Glu Leu Ile Gln Ile Leu Lys Asp His Tyr Asn Ile Ser	
TTA GAT AAT CCT TTA GAA AAC CCC TCT TCT TTA TTT GAC TTA GTT GCT	192
Leu Asp Asn Pro Leu Glu Asn Pro Ser Ser Leu Phe Asp Leu Val Ala	

CGC ATT AAA AGT AAT CTT AAA AAC TCT CCA GAC CTA TAT AGT CAT CAT	240
Arg Ile Lys Ser Asn Leu Lys Asn Ser Pro Asp Leu Tyr Ser His His	
TTT CAG AGC CAT GGA CAG TTA TCT GAC CAC CCC CAT GCC TTA TCA TCC	288
Phe Gln Ser His Gly Gln Leu Ser Asp His Pro His Ala Leu Ser Ser	
AGT AAC AGT AGT GCA GAA CCT AGA GGA GAA AAT GCA GTA TTA TCT AGT	336
Ser Asn Ser Ser Ala Glu Pro Arg Gly Glu Asn Ala Val Leu Ser Ser	
GAA GAC TTA CAC AAG CCT GGG CAA GTT AGC ATA CAA TTA CCC GGT ACT	384
Glu Asp Leu His Lys Pro Gly Gln Val Ser Ile Gln Leu Pro Gly Thr	
AAC TAT GTT GGG CCT GGC AAT GAG CTA CAA GCT GGG CCT CCG CAG AAT	432
Asn Tyr Val Gly Pro Gly Asn Glu Leu Gln Ala Gly Pro Pro Gln Asn	
GCT GTG GAC AGT GCT GCA AGG ATT CAT GAC TTT AGG TAT AGC CAA TTG	480
Ala Val Asp Ser Ala Ala Arg Ile His Asp Phe Arg Tyr Ser Gln Leu	
GCT AAG TTG GGA ATA AAT CCT TAT ACA CAT TGG ACG GTA GCA GAT GAA	528
Ala Lys Leu Gly Ile Asn Pro Tyr Thr His Trp Thr Val Ala Asp Glu	
GAA TTG TTA AAA AAT ATA AAA AAT GAA ACA GGG TTT CAA GCA CAA GCA	576
Glu Leu Leu Lys Asn Ile Lys Asn Glu Thr Gly Phe Gln Ala Gln Ala	
GTA AAA GAT TAC TTT ACT TTA AAA GGT GCA GCT GCC CCT GTG GCC CAT	624
Val Lys Asp Tyr Phe Thr Leu Lys Gly Ala Ala Ala Pro Val Ala His	
TTT CAA GGA AGT TTA CCG GAA GTG CCC GCG TAC AAC GCC TCA GAA AAA	672
Phe Gln Gly Ser Leu Pro Glu Val Pro Ala Tyr Asn Ala Ser Glu Lys	
TAC CCC AGC	681
Tyr Pro Ser	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 88:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 227 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine VP1 unique

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 88:

Met	Ser	Lys	Thr	Thr	Asn	Lys	Trp	Trp	Glu	Ser	Ser	Asp	Lys	Phe	Ala	
1				5					10					15		
Gln	Asp	Val	Tyr	Lys	Gln	Phe	Val	Gln	Phe	Tyr	Glu	Lys	Ala	Thr	Gly	
	20							25					30			
Thr	Asp	Leu	Glu	Leu	Ile	Gln	Ile	Leu	Lys	Asp	His	Tyr	Asn	Ile	Ser	
	35						40					45				
Leu	Asp	Asn	Pro	Leu	Glu	Asn	Pro	Ser	Ser	Leu	Phe	Asp	Leu	Val	Ala	
	50					55					60					
Arg	Ile	Lys	Ser	Asn	Leu	Lys	Asn	Ser	Pro	Asp	Leu	Tyr	Ser	His	His	
65				70					75					80		
Phe	Gln	Ser	His	Gly	Gln	Leu	Ser	Asp	His	Pro	His	Ala	Leu	Ser	Ser	
		85						90					95			
Ser	Asn	Ser	Ser	Ala	Glu	Pro	Arg	Gly	Glu	Asn	Ala	Val	Leu	Ser	Ser	
		100						105				110				
Glu	Asp	Leu	His	Lys	Pro	Gly	Gln	Val	Ser	Ile	Gln	Leu	Pro	Gly	Thr	
	115					120						125				

Asn Tyr Val Gly Pro Gly Asn Glu Leu Gln Ala Gly Pro Pro Gln Asn
 130 135 140

Ala Val Asp Ser Ala Ala Arg Ile His Asp Phe Arg Tyr Ser Gln Leu
 145 150 155 160

Ala Lys Leu Gly Ile Asn Pro Tyr Thr His Trp Thr Val Ala Asp Glu
 165 170 175

Glu Leu Leu Lys Asn Ile Lys Asn Glu Thr Gly Phe Gln Ala Gln Ala
 180 185 190

Val Lys Asp Tyr Phe Thr Leu Lys Gly Ala Ala Ala Pro Val Ala His
 195 200 205

Phe Gln Gly Ser Leu Pro Glu Val Pro Ala Tyr Asn Ala Ser Glu Lys
 210 215 220

Tyr Pro Ser
 225

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 89:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 306 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: gène de la protéine X

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT: 1..306

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 89:

TTG CTC GCA TTA AAA GTA ATC TTA AAA ACT CTC CAG ACC TAT ATA GTC	48
Leu Leu Ala Leu Lys Val Ile Leu Lys Thr Leu Gln Thr Tyr Ile Val	
ATC ATT TTC AGA GCC ATG GAC AGT TAT CTG ACC ACC CCC ATG CCT TAT	96
Ile Ile Phe Arg Ala Met Asp Ser Tyr Leu Thr Thr Pro Met Pro Tyr	
CAT CCA GTA ACA GTA GTG CAG AAC CTA GAG GAG AAA ATG CAG TAT TAT	144
His Pro Val Thr Val Val Gln Asn Leu Glu Glu Lys Met Gln Tyr Tyr	
CTA GTG AAG ACT TAC ACA AGC CTG GGC AAG TTA GCA TAC AAT TAC CCG	192
Leu Val Lys Thr Tyr Thr Ser Leu Gly Lys Leu Ala Tyr Asn Tyr Pro	
GTA CTA ACT ATG TTG GGC CTG GCA ATG AGC TAC AAG CTG GGC CTC CGC	240
Val Leu Thr Met Leu Gly Leu Ala Met Ser Tyr Lys Leu Gly Leu Arg	
AGA ATG CTG TGG ACA GTG CTG CAA GGA TTC ATG ACT TTA GGT ATA GCC	288
Arg Met Leu Trp Thr Val Leu Gln Gly Phe Met Thr Leu Gly Ile Ala	
AAT TGG CTA AGT TGG GAA	306
Asn Trp Leu Ser Trp Glu	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 90:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 102 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine X

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 90:

```

Leu Leu Ala Leu Lys Val Ile Leu Lys Thr Leu Gln Thr Tyr Ile Val
 1           5           10           15
Ile Ile Phe Arg Ala Met Asp Ser Tyr Leu Thr Thr Pro Met Pro Tyr
          20           25           30
His Pro Val Thr Val Val Gln Asn Leu Glu Glu Lys Met Gln Tyr Tyr
          35           40           45
Leu Val Lys Thr Tyr Thr Ser Leu Gly Lys Leu Ala Tyr Asn Tyr Pro
          50           55           60
Val Leu Thr Met Leu Gly Leu Ala Met Ser Tyr Lys Leu Gly Leu Arg
        65           70           75           80
Arg Met Leu Trp Thr Val Leu Gln Gly Phe Met Thr Leu Gly Ile Ala
          85           90           95
Asn Trp Leu Ser Trp Glu
          100

```

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 91:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 1662 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: gène de la protéine VP2

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMBLACEMENT: 1..1662

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 91:

```

ATG ACT TCA GTT AAC TCT GCA GAA GCC AGC ACT GGT GCA GGC GGG GGA      48
Met Thr Ser Val Asn Ser Ala Glu Ala Ser Thr Gly Ala Gly Gly Gly
          105           110           115

GGT AGC AAC CCT ACA AAA AGC ATG TGG AGT GAA GGG GCT ACA TTT ACT      96
Gly Ser Asn Pro Thr Lys Ser Met Trp Ser Glu Gly Ala Thr Phe Thr

GCT AAT TCT GTA ACG TGT ACA TTC TCT AGG CAA TTT TTA ATT CCA TAT      144
Ala Asn Ser Val Thr Cys Thr Phe Ser Arg Gln Phe Leu Ile Pro Tyr

GAT CCA GAG CAT CAT TAT AAA GTG TTC TCT CCA GCA GCT AGT AGC TGC      192
Asp Pro Glu His His Tyr Lys Val Phe Ser Pro Ala Ala Ser Ser Cys

CAC AAT GCT AGT GGG AAA GAG GCA AAA GTG TGC ACT ATT AGT CCC ATT      240
His Asn Ala Ser Gly Lys Glu Ala Lys Val Cys Thr Ile Ser Pro Ile

ATG GGG TAC TCT ACT CCG TGG AGA TAC TTA GAT TTT AAT GCT TTA AAT      288
Met Gly Tyr Ser Thr Pro Trp Arg Tyr Leu Asp Phe Asn Ala Leu Asn

TTG TTT TTC TCA CCA TTA GAG TTT CAG CAC TTA ATT GAA AAT TAT GGT      336
Leu Phe Phe Ser Pro Leu Glu Phe Gln His Leu Ile Glu Asn Tyr Gly

AGT ATA GCT CCA GAT GCT TTA ACT GTA ACT ATT TCA GAA ATT GCT GTA      384
Ser Ile Ala Pro Asp Ala Leu Thr Val Thr Ile Ser Glu Ile Ala Val

AAA GAT GTC ACA GAC AAA ACA GGA GGA GGT GTG CAA GTT ACT GAC AGC      432
Lys Asp Val Thr Asp Lys Thr Gly Gly Gly Val Gln Val Thr Asp Ser

```

ACC ACA GGA CGT TTG TGT ATG TTA GTG GAT CAT GAG TAT AAA TAC CCA Thr Thr Gly Arg Leu Cys Met Leu Val Asp His Glu Tyr Lys Tyr Pro	480
TAT GTG CTA GGT CAG GGA CAA GAC ACA CTA GCT CCA GAA CTG CCC ATT Tyr Val Leu Gly Gln Gly Gln Asp Thr Leu Ala Pro Glu Leu Pro Ile	528
TGG GTT TAC TTT CCC CCC CAG TAT GCT TAC TTA ACA GTA GGT GAA GTA Trp Val Tyr Phe Pro Pro Gln Tyr Ala Tyr Leu Thr Val Gly Glu Val	576
AAC ACA CAA GGA ATT TCA GGA GAC AGC AAA AAA TTG GCT AGT GAA GAA Asn Thr Gln Gly Ile Ser Gly Asp Ser Lys Lys Leu Ala Ser Glu Glu	624
TCA GCT TTT TAT GTG TTA GAG CAC AGT TCA TTT GAA CTT TTG GGT ACA Ser Ala Phe Tyr Val Leu Glu His Ser Ser Phe Glu Leu Leu Gly Thr	672
GGG GGA TCT GCC ACT ATG TCC TAC AAA TTT CCA GCT GTG CCC CCA GAA Gly Gly Ser Ala Thr Met Ser Tyr Lys Phe Pro Ala Val Pro Pro Glu	720
AAC CTA GAA GGC TGC AGC CAA CAT TTT TAT GAA ATG TAC AAC CCT TTG Asn Leu Glu Gly Cys Ser Gln His Phe Tyr Glu Met Tyr Asn Pro Leu	768
TAC GGT TCT CGT TTA GGG GTA CCT GAC ACA TTA GGA GGG GAC CCT AAA Tyr Gly Ser Arg Leu Gly Val Pro Asp Thr Leu Gly Gly Asp Pro Lys	816
TTT AGA TCA TTG ACA CAC GAA GAC CAC GCA ATT CAG CCA CAA AAC TTT Phe Arg Ser Leu Thr His Glu Asp His Ala Ile Gln Pro Gln Asn Phe	864
ATG CCT GGG CCA CTA ATA AAT TCA GTG TCT ACC AAA GAA GGA GAC AAT Met Pro Gly Pro Leu Ile Asn Ser Val Ser Thr Lys Glu Gly Asp Asn	912
TCT AAT ACA GGT GCT GGA AAA GCC CTT ACG GGG CTT AGT ACT GGC ACT Ser Asn Thr Gly Ala Gly Lys Ala Leu Thr Gly Leu Ser Thr Gly Thr	960
AGC CAA AAC ACC AGA ATT TCC CTA CGC CCC GGG CCA GTA TCT CAG CCA Ser Gln Asn Thr Arg Ile Ser Leu Arg Pro Gly Pro Val Ser Gln Pro	1008
TAC CAT CAC TGG GAC ACT GAT AAA TAT GTT ACA GGA ATA AAT GCC ATT Tyr His His Trp Asp Thr Asp Lys Tyr Val Thr Gly Ile Asn Ala Ile	1056
TCA CAT GGA CAA ACC ACT TAT GGA AAT GCT GAG GAC AAA GAG TAT CAG Ser His Gly Gln Thr Thr Tyr Gly Asn Ala Glu Asp Lys Glu Tyr Gln	1104
CAA GGG GTA GGA AGA TTT CCA AAT GAA AAA GAA CAG CTT AAG CAG TTA Gln Gly Val Gly Arg Phe Pro Asn Glu Lys Glu Gln Leu Lys Gln Leu	1152
CAA GGT CTT AAC ATG CAC ACA TAC TTC CCT AAT AAA GGA ACC CAA CAA Gln Gly Leu Asn Met His Thr Tyr Phe Pro Asn Lys Gly Thr Gln Gln	1200
TAC ACA GAC CAA ATT GAA CGC CCT CTT ATG GTG GGC TCT GTT TGG AAC Tyr Thr Asp Gln Ile Glu Arg Pro Leu Met Val Gly Ser Val Trp Asn	1248
AGA AGA GCT CTT CAC TAT GAA AGT CAG CTG TGG AGT AAA ATC CCT AAC Arg Arg Ala Leu His Tyr Glu Ser Gln Leu Trp Ser Lys Ile Pro Asn	1296
TTA GAT GAC AGT TTT AAA ACT CAA TTT GCA GCC CTA GGC GGG TGG GGT Leu Asp Asp Ser Phe Lys Thr Gln Phe Ala Ala Leu Gly Gly Trp Gly	1344
TTG CAT CAA CCA CCC CCT CAA ATA TTT TTA AAA ATA CTA CCA CAA AGT Leu His Gln Pro Pro Gln Ile Phe Leu Lys Ile Leu Pro Gln Ser	1392
GGG CCA ATT GGA GGT ATT AAA TCC ATG GGA ATT ACT ACT TTA GTT CAA Gly Pro Ile Gly Gly Ile Lys Ser Met Gly Ile Thr Thr Leu Val Gln	1440
TAT GCT GTG GGA ATA ATG ACA GTT ACC ATG ACC TTT AAA TTG GGA CCT Tyr Ala Val Gly Ile Met Thr Val Thr Met Thr Phe Lys Leu Gly Pro	1488
CGA AAG GCT ACT GGA AGG TGG AAT CCC CAG CCT GGC GTT TAT CCT CCT Arg Lys Ala Thr Gly Arg Trp Asn Pro Gln Pro Gly Val Tyr Pro Pro	1536

CAT GCA GCT GGT CAT TTA CCA TAT GTA CTG TAT GAC CCC ACA GCT ACA	1584
His Ala Ala Gly His Leu Pro Tyr Val Leu Tyr Asp Pro Thr Ala Thr	
GAT GCA AAG CAA CAC CAC AGA CAC GGA TAT GAA AAG CCT GAA GAA TTG	1632
Asp Ala Lys Gln His His Arg His Gly Tyr Glu Lys Pro Glu Glu Leu	
TGG ACT GCC AAA AGC CGT GTG CAC CCA TTG	1662
Trp Thr Ala Lys Ser Arg Val His Pro Leu	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 92:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 554 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine VP2

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 92:

Met	Thr	Ser	Val	Asn	Ser	Ala	Glu	Ala	Ser	Thr	Gly	Ala	Gly	Gly	Gly	1	5	10	15
Gly	Ser	Asn	Pro	Thr	Lys	Ser	Met	Trp	Ser	Glu	Gly	Ala	Thr	Phe	Thr	20	25	30	
Ala	Asn	Ser	Val	Thr	Cys	Thr	Phe	Ser	Arg	Gln	Phe	Leu	Ile	Pro	Tyr	35	40	45	
Asp	Pro	Glu	His	His	Tyr	Lys	Val	Phe	Ser	Pro	Ala	Ala	Ser	Ser	Cys	50	55	60	
His	Asn	Ala	Ser	Gly	Lys	Glu	Ala	Lys	Val	Cys	Thr	Ile	Ser	Pro	Ile	65	70	75	80
Met	Gly	Tyr	Ser	Thr	Pro	Trp	Arg	Tyr	Leu	Asp	Phe	Asn	Ala	Leu	Asn	85	90	95	
Leu	Phe	Phe	Ser	Pro	Leu	Glu	Phe	Gln	His	Leu	Ile	Glu	Asn	Tyr	Gly	100	105	110	
Ser	Ile	Ala	Pro	Asp	Ala	Leu	Thr	Val	Thr	Ile	Ser	Glu	Ile	Ala	Val	115	120	125	
Lys	Asp	Val	Thr	Asp	Lys	Thr	Gly	Gly	Gly	Val	Gln	Val	Thr	Asp	Ser	130	135	140	
Thr	Thr	Gly	Arg	Leu	Cys	Met	Leu	Val	Asp	His	Glu	Tyr	Lys	Tyr	Pro	145	150	155	160
Tyr	Val	Leu	Gly	Gln	Gly	Gln	Asp	Thr	Leu	Ala	Pro	Glu	Leu	Pro	Ile	165	170	175	
Trp	Val	Tyr	Phe	Pro	Pro	Gln	Tyr	Ala	Tyr	Leu	Thr	Val	Gly	Glu	Val	180	185	190	
Asn	Thr	Gln	Gly	Ile	Ser	Gly	Asp	Ser	Lys	Lys	Leu	Ala	Ser	Glu	Glu	195	200	205	
Ser	Ala	Phe	Tyr	Val	Leu	Glu	His	Ser	Ser	Phe	Glu	Leu	Leu	Gly	Thr	210	215	220	
Gly	Gly	Ser	Ala	Thr	Met	Ser	Tyr	Lys	Phe	Pro	Ala	Val	Pro	Pro	Glu	225	230	235	240
Asn	Leu	Glu	Gly	Cys	Ser	Gln	His	Phe	Tyr	Glu	Met	Tyr	Asn	Pro	Leu	245	250	255	

Tyr Gly Ser Arg Leu Gly Val Pro Asp Thr Leu Gly Gly Asp Pro Lys
 260 265 270
 Phe Arg Ser Leu Thr His Glu Asp His Ala Ile Gln Pro Gln Asn Phe
 275 280 285
 Met Pro Gly Pro Leu Ile Asn Ser Val Ser Thr Lys Glu Gly Asp Asn
 290 295 300
 Ser Asn Thr Gly Ala Gly Lys Ala Leu Thr Gly Leu Ser Thr Gly Thr
 305 310 315 320
 Ser Gln Asn Thr Arg Ile Ser Leu Arg Pro Gly Pro Val Ser Gln Pro
 325 330 335
 Tyr His His Trp Asp Thr Asp Lys Tyr Val Thr Gly Ile Asn Ala Ile
 340 345 350
 Ser His Gly Gln Thr Thr Tyr Gly Asn Ala Glu Asp Lys Glu Tyr Gln
 355 360 365
 Gln Gly Val Gly Arg Phe Pro Asn Glu Lys Glu Gln Leu Lys Gln Leu
 370 375 380
 Gln Gly Leu Asn Met His Thr Tyr Phe Pro Asn Lys Gly Thr Gln Gln
 385 390 395 400
 Tyr Thr Asp Gln Ile Glu Arg Pro Leu Met Val Gly Ser Val Trp Asn
 405 410 415
 Arg Arg Ala Leu His Tyr Glu Ser Gln Leu Trp Ser Lys Ile Pro Asn
 420 425 430
 Leu Asp Asp Ser Phe Lys Thr Gln Phe Ala Ala Leu Gly Gly Trp Gly
 435 440 445
 Leu His Gln Pro Pro Pro Gln Ile Phe Leu Lys Ile Leu Pro Gln Ser
 450 455 460
 Gly Pro Ile Gly Gly Ile Lys Ser Met Gly Ile Thr Thr Leu Val Gln
 465 470 475 480
 Tyr Ala Val Gly Ile Met Thr Val Thr Met Thr Phe Lys Leu Gly Pro
 485 490 495
 Arg Lys Ala Thr Gly Arg Trp Asn Pro Gln Pro Gly Val Tyr Pro Pro
 500 505 510
 His Ala Ala Gly His Leu Pro Tyr Val Leu Tyr Asp Pro Thr Ala Thr
 515 520 525
 Asp Ala Lys Gln His His Arg His Gly Tyr Glu Lys Pro Glu Glu Leu
 530 535 540
 Trp Thr Ala Lys Ser Arg Val His Pro Leu
 545 550

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 93:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 396 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: gène de la protéine 11 kDa

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: CDS

(B) EMBLACEMENT: 1..396

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 93:

CCT TTA AAT TGG GAC CTC GAA AGG CTA CTG GAA GGT GGA ATC CCC AGC	48
Pro Leu Asn Trp Asp Leu Glu Arg Leu Leu Glu Gly Gly Ile Pro Ser	
CTG GCG TTT ATC CTC CTC ATG CAG CTG GTC ATT TAC CAT ATG TAC TGT	96
Leu Ala Phe Ile Leu Leu Met Gln Leu Val Ile Tyr His Met Tyr Cys	
ATG ACC CCA CAG CTA CAG ATG CAA AGC AAC ACC ACA GAC ACG GAT ATG	144
Met Thr Pro Gln Leu Gln Met Gln Ser Asn Thr Thr Asp Thr Asp Met	
AAA AGC CTG AAG AAT TGT GGA CTG CCA AAA GCC GTG TGC ACC CAT TGT	192
Lys Ser Leu Lys Asn Cys Gly Leu Pro Lys Ala Val Cys Thr His Cys	
AAA CAT TCC CCA CCG TGT CCT CAG CCA GGA ACC GTC ACC CAC CGC CCA	240
Lys His Ser Pro Pro Cys Pro Gln Pro Gly Thr Val Thr His Arg Pro	
CCT GTG CCG CCC AGA TTA TAT GTG CCC CCT CCA ATA CCC CGT AGG CAA	288
Pro Val Pro Pro Arg Leu Tyr Val Pro Pro Pro Ile Pro Arg Arg Gln	
CCA TCT ATA AAA GAT ACA GAC GCT GTA GAA TAT AAA TTA TTA ACT AGA	336
Pro Ser Ile Lys Asp Thr Asp Ala Val Glu Tyr Lys Leu Leu Thr Arg	
TAT GAA CAA CAT GTA ATT AGA ATG CTA AGA TTA TGT AAT ATG TAC ACA	384
Tyr Glu Gln His Val Ile Arg Met Leu Arg Leu Cys Asn Met Tyr Thr	
AGT TTG GAA AAA	396
Ser Leu Glu Lys	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 94:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 132 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine 11 kDa

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 94:

Pro Leu Asn Trp Asp Leu Glu Arg Leu Leu Glu Gly Gly Ile Pro Ser	1	5	10	15
Leu Ala Phe Ile Leu Leu Met Gln Leu Val Ile Tyr His Met Tyr Cys	20	25	30	
Met Thr Pro Gln Leu Gln Met Gln Ser Asn Thr Thr Asp Thr Asp Met	35	40	45	
Lys Ser Leu Lys Asn Cys Gly Leu Pro Lys Ala Val Cys Thr His Cys	50	55	60	
Lys His Ser Pro Pro Cys Pro Gln Pro Gly Thr Val Thr His Arg Pro	65	70	75	80
Pro Val Pro Pro Arg Leu Tyr Val Pro Pro Pro Ile Pro Arg Arg Gln	85	90	95	
Pro Ser Ile Lys Asp Thr Asp Ala Val Glu Tyr Lys Leu Leu Thr Arg	100	105	110	
Tyr Glu Gln His Val Ile Arg Met Leu Arg Leu Cys Asn Met Tyr Thr	115	120	125	

Ser Leu Glu Lys
130

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 95:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 40 acides aminés
 (B) TYPE: acide aminé
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide VP1a

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 95:

Met Ser Lys Thr Thr Asn Lys Trp Trp Glu Ser Ser Asp Lys Phe Ala
 1 5 10 15
 Gln Asp Val Tyr Lys Gln Phe Val Gln Phe Tyr Glu Lys Ala Thr Gly
 20 25 30
 Thr Asp Leu Glu Leu Ile Gln Ile
 35 40

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 96:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 21 acides aminés
 (B) TYPE: acide aminé
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide VP1b

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 96:

Ser Leu Phe Asp Leu Val Ala Arg Ile Lys Ser Asn Leu Lys Asn Ser
 1 5 10 15
 Pro Asp Leu Tyr Ser
 20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 97:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 24 acides aminés
 (B) TYPE: acide aminé
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide VP1c

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 97:

Leu Ser Asp His Pro His Ala Leu Ser Ser Ser Asn Ser Ser Ala Glu
 1 5 10 15
 Pro Arg Gly Glu Asn Ala Val Leu
 20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 98:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 21 acides aminés
 (B) TYPE: acide aminé

- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide VP1d

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 98:

Glu Asp Leu His Lys Pro Gly Gln Val Ser Ile Gln Leu Pro Gly Thr
1 5 10 15
Asn Tyr Val Gly Pro
20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 99:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 22 acides aminés
(B) TYPE: acide aminé
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide VP1e

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 99:

Gly Asn Glu Leu Gln Ala Gly Pro Pro Gln Asn Ala Val Asp Ser Ala
1 5 10 15
Ala Arg Ile His Asp Phe
20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 100:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 21 acides aminés
(B) TYPE: acide aminé
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide VP1f

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 100:

Ile Lys Asn Glu Thr Gly Phe Gln Ala Gln Ala Val Lys Asp Tyr Phe
1 5 10 15
Thr Leu Lys Gly Ala
20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 101:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 32 acides aminés
(B) TYPE: acide aminé
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide VP2a

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 101:

Ser Thr Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ser Asn Pro Thr Lys Ser Met Trp
1 5 10 15
Ser Glu Gly Ala Thr Phe Thr Ala Asn Ser Val Thr Cys Thr Phe Ser
20 25 30

(2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 102:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 21 acides aminés
(B) TYPE: acide aminé
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide VP2b

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 102:

Pro Pro Gln Tyr Ala Tyr Leu Thr Val Gly Glu Val Asn Thr Gln Gly
1 5 10 15

Ile Ser Gly Asp Ser
20

(2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 103:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 37 acides aminés
(B) TYPE: acide aminé
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide VP2c

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 103:

Ala Phe Tyr Val Leu Glu His Ser Ser Phe Glu Leu Leu Gly Thr Gly
1 5 10 15

Gly Ser Ala Thr Met Ser Tyr Lys Phe Pro Ala Val Pro Pro Glu Asn
20 25 30

Leu Glu Gly Cys Ser
35

(2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 104:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 28 acides aminés
(B) TYPE: acide aminé
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: peptide VP2d

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 104:

Gln Asn Phe Met Pro Gly Pro Leu Ile Asn Ser Val Ser Thr Lys Glu
1 5 10 15

Gly Asp Asn Ser Asn Thr Gly Ala Gly Lys Ala Leu
20 25

(2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 105:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 19 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 105:

TGCAGATGCC CTCCACCCA

19

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 106:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 21 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 106:

GCTGCTTTCA CTGAGTTCTT C

21

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 107:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 107:

GACCAGTTCA GGAGAATCAT

20

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 108:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 19 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 108:

ATCGGCAAGC GCGGTGTAA

19

- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 109:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 109:

ATCCAGACAG GTAAGCACAT

20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 110:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 21 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "SONDE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 110:

ATCGGCAAGC GCGGTGTAAG A

21

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 111:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 19 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 111:

CATGCCTTAT CATCCAGTA

19

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 112:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 20 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Autre acide nucléique
 - (A) DESCRIPTION: /desc = "AMORCE"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 112:

TTGGCTATAC CTAAAGTCAT

20

REVENDEICATIONS

1°) Séquence d'acide nucléique, caractérisée en ce qu'elle est sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences issues d'un érythrovirus, qui, moléculairement, ne peut être reconnu comme un érythrovirus B19, et dénommé variant de type V9, car présentant une divergence génétique $\geq 10\%$ sur l'ensemble du génome par rapport aux séquences de l'érythrovirus B19, la séquence SEQ ID NO:1 et les séquences nucléotidiques capables de s'hybrider avec ladite séquence ID NO:1.

2°) Séquence nucléique selon la revendication 1, caractérisée en ce qu'elle présente un profil de restriction différent de celui de l'érythrovirus B19, notamment par les sites de restrictions suivants : Acc I, Afl III, Alw I, AlwN I, Apa I, Ava I, Ava II, Avr II, BamH I, Ban I, Ban II, Bbe I, Bbs I, BceF I, Bcg I, Bcn I, Bgl II, Bsg I, BsiE I, Bsm I, BsmA I, Bsp120 I, BspH I, BspM I, BsrF I, Bst1107 I, BstE II, BstU I, Bsu36 I, Dpn I, Dra III, Dsa I, Eae I, Eag I, Ear I, Ecl136 I, EcoN I, Eco109 I, EcoR I, Ehe I, Fok I, Hae I, Hae III, Hga I, HgiA I, Hha I, Hinc II, Hind III, HinP I, Hpa I, Kas I, Mae II, Mbo I, Mcr I, Msc I, Mun I, Nar I, Nci I, Nco I, Nsi I, Nsp I, Nsp7524 I, NspB II, NspC I, PflM I, Pme I, Ppu10 I, PpuM I, Pst I, Pvu II, Sac I, Sau3A I, Sca I, SfaN I, Sfc I, Sma I, Spe I, Sph I, Ssp I, Stu I, Sty I, Swa I, Tth111 I, Xba I, Xma I.

3°) Fragments de la séquence ID NO:1, aptes à permettre la détection d'un érythrovirus V9, caractérisés en ce qu'ils comprennent une séquence nucléotidique sélectionnée dans le groupe constitué par :

- a) les séquences SEQ ID NO:81, SEQ ID NO:83, SEQ ID NO:85, SEQ ID NO:87, SEQ ID NO:89, SEQ ID NO:91 ou SEQ ID NO:93,
- b) les séquences nucléotidiques capables de s'hybrider avec l'une des séquences SEQ ID NO:1, SEQ ID NO:81, SEQ ID NO:83, SEQ ID NO:85, SEQ ID NO:87, SEQ ID NO:89, SEQ ID NO:91 ou SEQ ID NO:93,
- c) les séquences SEQ ID NO:2-80
- d) les séquences SEQ ID NO:105-112 et
- e) les séquences complémentaires des séquences précédentes, les fragments issus des séquences précédentes d'au moins 17 nucléotides ou leurs séquences complémentaires.

4°) Fragment selon la revendication 3, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:45-80, 108 et

NO:110, leurs séquences complémentaires, les séquences issues de ces séquences d'au moins 17 nucléotides et les séquences comprenant lesdites séquences et en ce qu'il est apte à servir de sonde dans l'identification spécifique d'un érythrovirus de type V9 ou d'un érythrovirus apparenté.

5 5°) Fragment selon la revendication 3, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:2-80 et les séquences SEQ ID NO:105-112, leurs séquences complémentaires, les séquences issues de ces séquences d'au moins 17 nucléotides et les séquences comprenant lesdites séquences et en ce qu'il est apte à servir d'amorce pour l'amplification de séquences
10 issues d'un érythrovirus.

6°) Paires d'amorces, caractérisées en ce qu'elles sont sélectionnées dans le groupe constitué par :

- la paire A : amorces SEQ ID NO:111 et SEQ ID NO:112 ;
- la paire B : amorces SEQ ID NO:105 et SEQ ID NO:106 ;
- 15 - la paire C : l'une des séquences SEQ ID NO:2-44, 105, 106, 107, 109, 111 ou 112 et l'une des séquence SEQ ID NO:45-80, 108 ou 110 ;
- la paire D : amorce SEQ ID NO:107 et amorce SEQ ID NO:109 ;
- la paire E : deux amorces sélectionnées parmi les séquences SEQ ID NO:2-44, 105, 106, 107, 109, 111 ou 112 ; et
- 20 - la paire F : deux amorces sélectionnées parmi les séquences SEQ ID NO:45-80, 108 ou 110.

7°) Erythrovirus variant, caractérisé en ce qu'il ne peut être reconnu moléculairement comme un érythrovirus B19, en ce qu'il présente une divergence génétique $< 10\%$ avec l'érythrovirus V9, tel que défini à la revendication 1 et en ce
25 que son génome s'hybride spécifiquement avec l'une des séquences SEQ ID NO:45 à 80, 108 et 110.

8°) Plasmide, caractérisé en ce qu'il comprend le génome viral d'une souche d'érythrovirus variant, dénommée érythrovirus V9, ne pouvant être reconnue moléculairement comme un érythrovirus B19 et présentant avec ce dernier une diver-
30 gence génétique $\geq 10\%$ sur l'ensemble du génome, par rapport aux séquences de l'érythrovirus B19.

9°) Plasmide selon la revendication 8, caractérisé en ce qu'il inclut la séquence SEQ ID NO:1.

10°) Plasmide selon la revendication 9, caractérisé en ce qu'il a été déposé auprès de la Collection Nationale de Culture de Microorganismes (CNCM) en date du 18 novembre 1997 sous le n° I-1940, incorporé dans une bactérie *Escherichia coli*.

11°) Réactif de diagnostic pour la détection différentielle des érythrovirus de type V9, caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences SEQ ID NO:45-80, 108 et 110, leurs séquences complémentaires, les séquences issues de ces séquences d'au moins 17 nucléotides et les séquences comprenant lesdites séquences, éventuellement marquées avec un marqueur approprié.

12°) Procédé de diagnostic rapide et différentiel des érythrovirus, par hybridation et/ou amplification génique, réalisé à partir d'un échantillon biologique, lequel procédé est caractérisé en ce qu'il comprend :

(1) une étape dans laquelle l'on met en contact un échantillon biologique à analyser avec au moins une sonde de séquence SEQ ID NO:45-80, 108 ou 110 et

(2) une étape dans laquelle on détecte par tout moyen approprié le ou les produits résultant de l'interaction séquence nucléotidique d'érythrovirus-sonde.

13°) Procédé selon la revendication 12, caractérisé en ce qu'il comprend, préalablement à l'étape (1) :

. une étape d'extraction de l'acide nucléique à détecter, appartenant au génome du virus, éventuellement présent dans l'échantillon biologique, et

. au moins un cycle d'amplification génique.

14°) Procédé selon la revendication 13, caractérisé en ce que les cycles d'amplification sont réalisés à l'aide d'une paire d'amorces selon la revendication 6.

15°) Utilisation des séquences selon l'une quelconque des revendications 1 à 5 pour la mise en oeuvre d'un procédé d'hybridation ou d'amplification génique de séquence nucléiques d'érythrovirus pour le diagnostic *in vitro* de l'infection potentielle d'un individu par un érythrovirus.

16°) Procédé de criblage et de typage d'un érythrovirus V9 ou apparenté, caractérisé en ce qu'il comprend la mise en contact d'une sonde sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences selon la revendication 4, éventuellement marquée avec l'acide nucléique du virus à typer, éventuellement marqué, et la détection de l'hybride acide nucléique-sonde obtenu.

17°) Produits de traduction, caractérisés en ce qu'ils sont codés par une séquence nucléotidique selon la revendication 1.

18°) Protéine, caractérisée en ce qu'elle est susceptible d'être exprimée à l'aide d'une séquence nucléotidique selon la revendication 1.

19°) Protéine ou peptide, caractérisé en ce qu'il est issu d'un érythrovirus variant de type V9, tel que défini à la revendication 1 et en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences SEQ ID NO:82 (protéine NS1), SEQ ID NO:86 (protéine VP1), SEQ ID NO:88 (protéine VP1 unique), SEQ ID NO:92 (protéine VP2) et SEQ ID NO:95-104, à savoir des fragments de la protéine VP1 [peptide VP1a (SEQ ID NO:95) ; peptide VP1b (SEQ ID NO:96) ; peptide VP1c (SEQ ID NO:97) ; peptide VP1d (SEQ ID NO:98) ; peptide VP1e (SEQ ID NO:99) ; peptide VP1f (SEQ ID NO:100)], ou des fragments de la protéine VP2 [peptide VP2a (SEQ ID NO:101) ; peptide VP2b (SEQ ID NO:102) ; peptide VP2c (SEQ ID NO:103) ; peptide VP2d (SEQ ID NO:104)] ainsi que les peptides dérivés comprenant 7 à 50 aminoacides.

20°) Compositions immunogènes comprenant un ou plusieurs produits de traduction des séquences nucléotidiques selon la revendication 17 et/ou l'un des peptides ou protéines selon la revendication 18 ou la revendication 19.

21°) Anticorps dirigés contre l'un ou plusieurs des peptides ou protéines selon l'une quelconque des revendications 17 à 20.

22°) Procédé de détection immunologique d'une infection à érythrovirus V9, caractérisé en ce qu'il comprend :

- pour la détection des anticorps anti-érythrovirus V9, la mise en contact d'un échantillon biologique avec un peptide selon l'une quelconque des revendications 17 à 19 (sérodiagnostic),

- pour la détection des protéines virales d'érythrovirus V9, la mise en contact d'un échantillon biologique avec un anticorps selon la revendication 21 ;

la lecture du résultat étant révélée par un moyen approprié, notamment EIA, ELISA, RIA, fluorescence.

- 23°) Trousse de diagnostic d'érythrovirus, caractérisée en ce qu'elle inclut au moins un réactif selon la revendication 11 et/ou une paire d'amorces selon la
- 5 revendication 6 et/ou un peptide selon l'une quelconque des revendications 17 à 19 et/ou un anticorps selon la revendication 21.

1/8

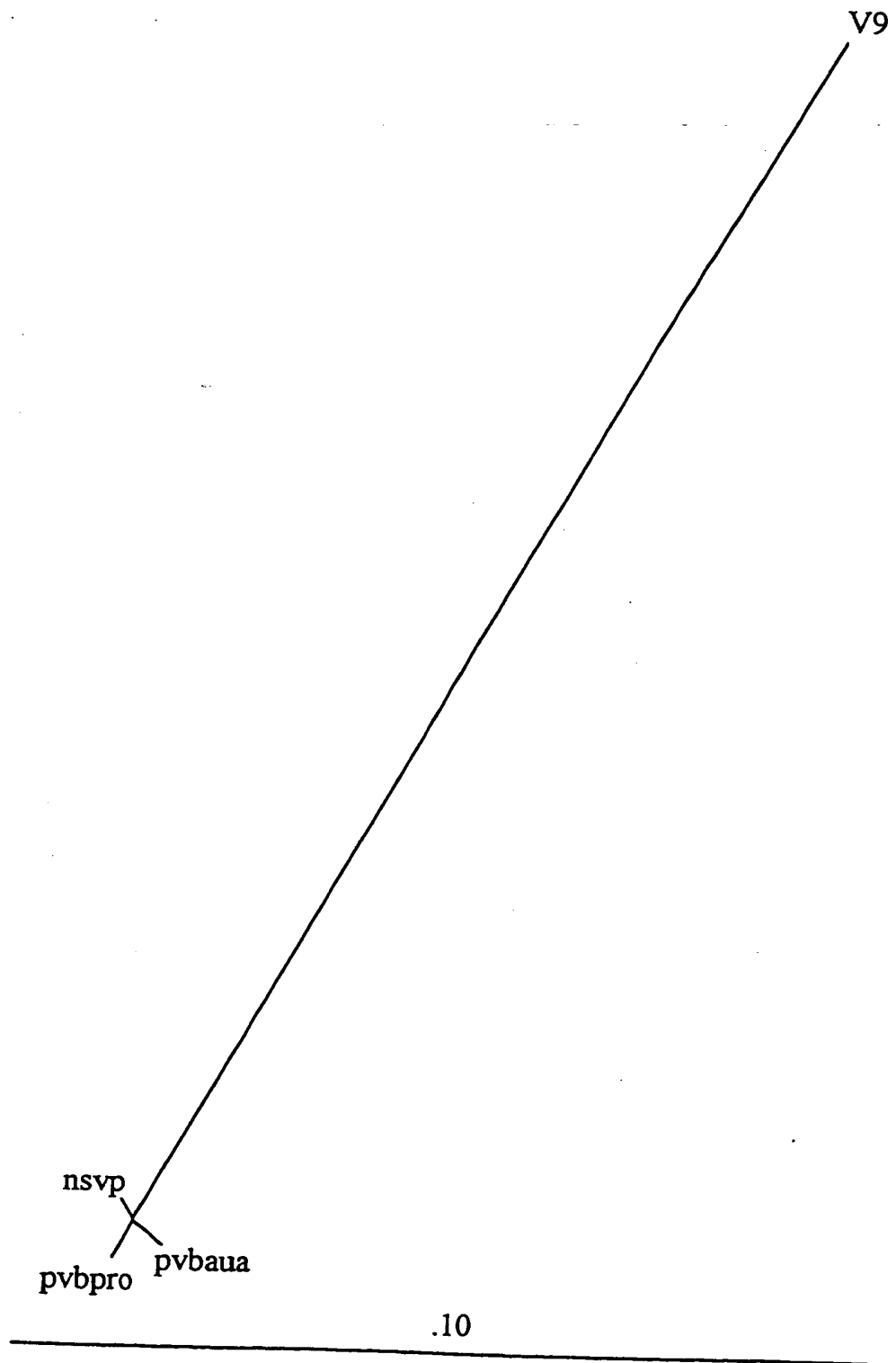


FIGURE 1

V9

pvb19x528
pvb19x599
e09420
pvbpro
pvb19x560
pvbaua
pvb19nsvp

0.10

FIGURE 2

3/8

v9

ebu38507

ebu38506

ebu38518
ebu38509

pvb19x528

ebu38515

ebu38517

bvu31358

ebu38511

ebu38514

pvbpro

ebu38508

ebu38512

ebu38546

ebu38513

ebu38517

ebu38516

ebu38510

e09420

pvb19x599

ebu38512

ebu38546

ebu38513

ebu38517

ebu38516

ebu38510

pvb19x599

ebu38512

ebu38546

ebu38513

ebu38517

ebu38516

ebu38510

0.10

FIGURE 3

	nsvp	aua	pro	v9
nsvp	0.00	0.70	0.80	14.77
pvbaua		0.00	0.90	15.03
pvbpro			0.00	15.03
v9				0.00

FIGURE 4

	420	599	nsvp	560	aua	528	pro	V9
e09420	0.00	0.65	0.75	0.70	0.80	0.75	0.85	14.87
pvb19x599		0.00	0.70	0.65	0.75	0.70	0.80	14.93
pvb19nsvp			0.00	0.35	0.45	0.70	0.70	14.99
pvb19x560				0.00	0.40	0.65	0.65	14.98
pvbaua					0.00	0.75	0.75	15.06
pvb19x528						0.00	0.80	15.17
pvbpro							0.00	15.11
v9								0.00

FIGURE 5

	510	511	514	515	528	513	nsvp	358	517	508	512	420	516	aua	560	518	546	pro	599	509	506	507	V9
ebu38510	0.00	0.56	0.99	0.95	0.99	0.99	0.90	0.95	0.82	1.08	0.86	1.21	1.03	0.95	0.95	0.95	1.16	1.21	1.29	1.82	3.73	4.59	12.69
ebu38511	0.00	0.77	0.90	0.95	0.95	0.95	0.86	0.82	0.69	0.95	0.82	1.08	0.90	0.82	0.82	0.82	0.95	1.08	1.16	1.69	3.64	4.64	12.74
ebu38514		0.00	0.99	0.95	0.95	1.03	0.95	0.82	0.77	0.95	0.90	1.16	0.90	0.82	0.82	0.82	1.03	1.16	1.08	1.69	3.73	4.77	13.01
ebu38515			0.00	0.00	0.47	0.99	0.90	0.86	0.82	0.90	0.77	1.03	0.86	0.77	0.77	0.77	0.99	0.95	1.08	1.64	3.73	4.59	12.95
pvl9x528					0.00	0.95	0.86	0.90	0.77	0.86	0.82	1.08	0.82	0.73	0.73	0.73	0.95	0.99	1.03	1.60	3.64	4.64	12.85
ebu38513						0.00	0.51	0.99	0.77	0.86	0.82	1.16	0.82	0.73	0.73	0.82	0.95	1.03	1.16	1.69	3.64	4.77	13.05
pvl9nsvp							0.00	0.90	0.69	0.77	0.64	1.08	0.73	0.64	0.64	0.73	0.77	0.82	1.08	1.55	3.41	4.46	12.95
bvu31358								0.00	0.47	0.90	0.86	1.12	0.86	0.77	0.77	0.77	0.99	1.03	1.12	1.69	3.78	4.50	13.01
ebu38517									0.00	0.77	0.73	0.99	0.73	0.64	0.64	0.64	0.86	0.99	0.99	1.55	3.64	4.50	12.90
ebu38508										0.00	0.00	0.82	0.69	0.60	0.60	0.69	0.64	0.69	0.86	1.38	3.41	4.36	12.95
ebu38512											0.00	0.00	1.03	0.95	0.95	0.95	1.08	1.08	1.12	1.73	3.82	4.78	13.12
e09420													0.00	0.51	0.60	0.69	0.73	0.95	0.95	1.51	3.64	4.64	13.17
ebu38516														0.00	0.51	0.60	0.64	0.86	0.86	1.34	3.55	4.50	12.90
pvl9x560															0.00	0.60	0.73	0.86	0.95	1.47	3.55	4.55	13.05
ebu38518																0.00	0.73	0.86	0.95	1.47	3.41	4.36	12.95
ebu38546																	0.00	0.90	0.99	1.55	3.55	4.64	13.16
pvl9x599																		0.00	1.12	1.16	3.37	4.46	13.00
ebu38509																			0.00	1.68	3.68	4.68	13.01
ebu38506																				0.00	3.64	4.64	12.64
ebu38507																				0.00	0.00	3.51	13.11
V9C																					0.00	0.00	13.47

FIGURE 6

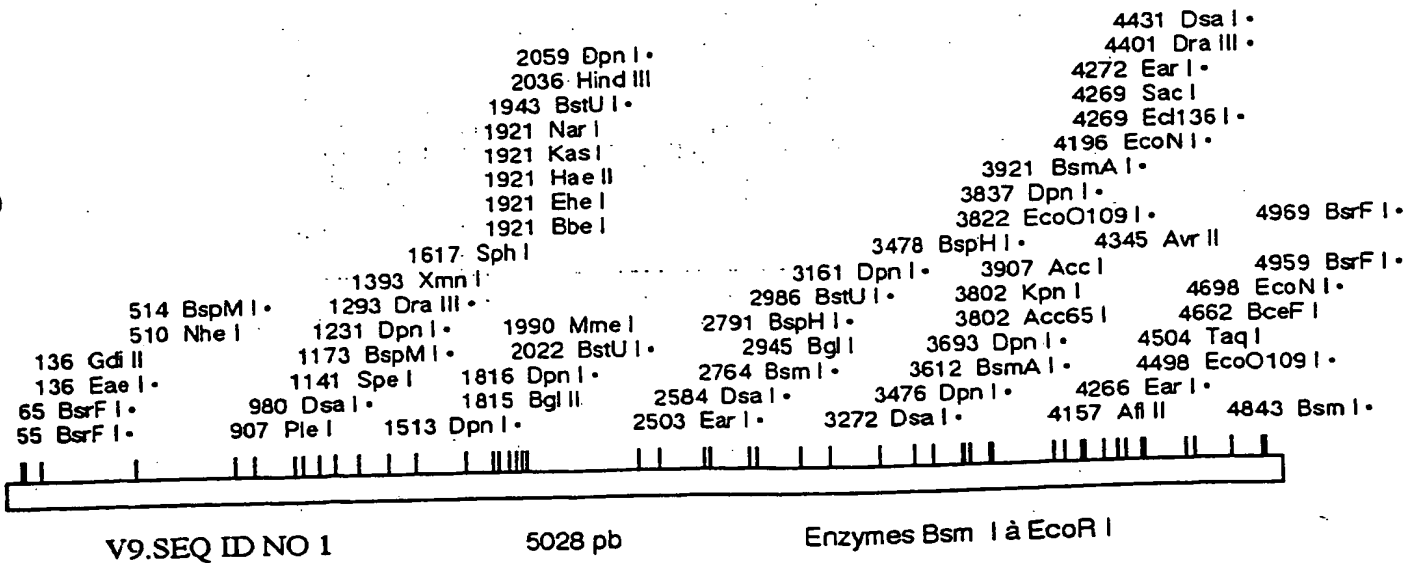
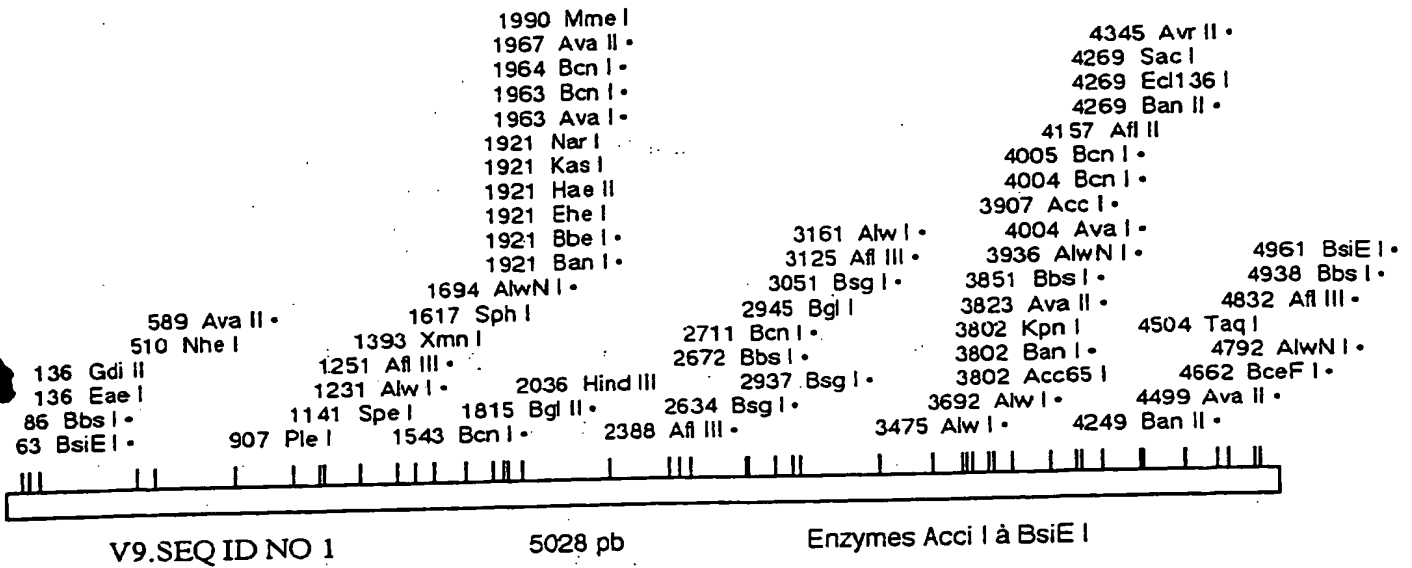
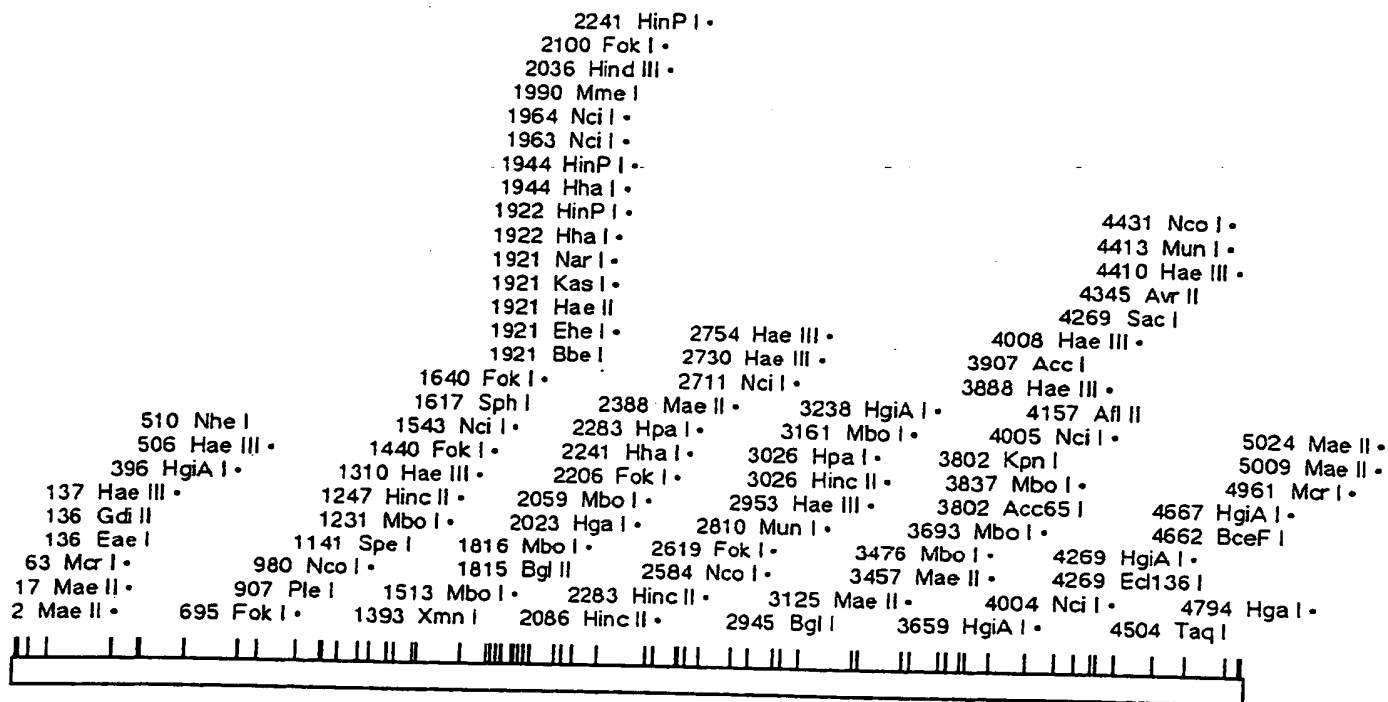


FIGURE 7.1

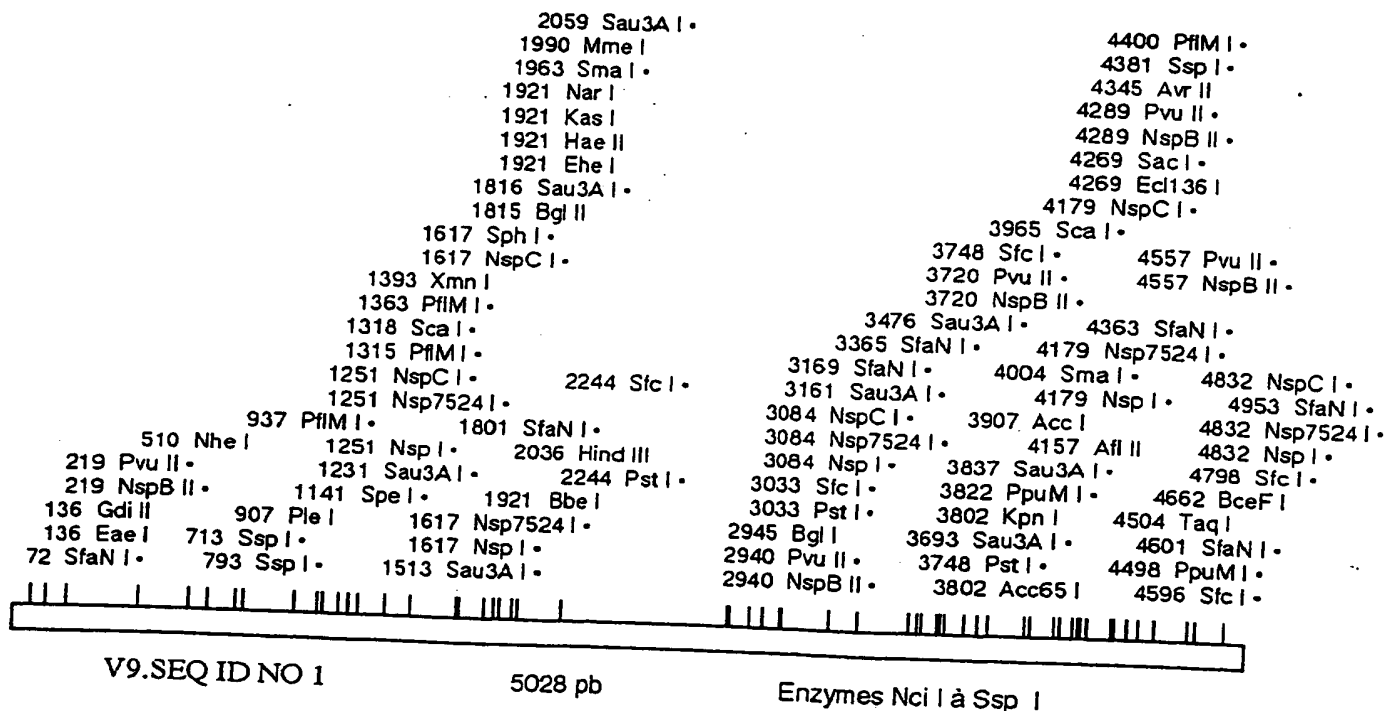
7/8



V9.SEQ ID NO 1

5028 pb

Enzymes Ehe I à Nco I

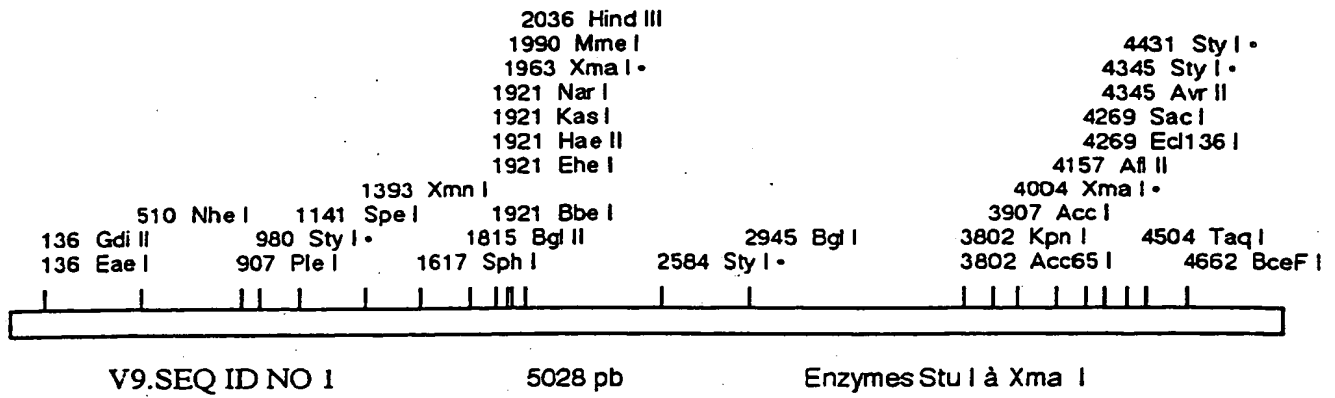


V9.SEQ ID NO 1

5028 pb

Enzymes Nci I à Ssp I

FIGURE 7.2

**FIGURE 7.3**

THIS PAGE BLANK (USPTO)